

L2 ANSWER 1 OF 1 WPINDEX COPYRIGHT 2006 THE THOMSON CORP on STN  
AN 1999-528981 [45] WPINDEX Full-text  
DNC C1999-155765  
TI Human nucleic acid sequences and protein products from tumor breast tissue, useful for breast cancer therapy.  
DC B04 D16  
IN DAHL, E; HINZMANN, B; PILARSKY, C; ROSENTAHL, A; SCHMITT, A; SPECHT, T; ROSENTHAL, A  
PA (META-N) METAGEN GES GENOMFORSCHUNG MBH; (META-N) METAGEN PHARM GMBH  
CYC 21  
PI DE 19813839 A1 19990923 (199945)\* 188 C07K014-435 <--  
WO 9947669 A2 19990923 (199947) GE C12N015-12  
RW: AT BE CH CY DE DK ES FI FR GB GR IE IT LU MC NL PT SE  
W: JP US  
EP 1064379 A2 20010103 (200102) GE C12N015-12  
R: AT BE CH DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI NL PT SE  
JP 2002506643 W 20020305 (200220) 506 C12N015-09  
EP 1236799 A2 20020904 (200266) GE C12N015-12  
R: AT BE CH DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI NL PT SE  
US 2003235915 A1 20031225 (200408) C12N015-85  
ADT DE 19813839 A1 DE 1998-1013839 19980320; WO 9947669 A2 WO 1999-DE908 19990319; EP 1064379 A2 EP 1999-924683 19990319, WO 1999-DE908 19990319; JP 2002506643 W WO 1999-DE908 19990319, JP 2000-536852 19990319; EP 1236799 A2 Div ex EP 1999-924683 19990319, EP 2002-90142 19990319; US 2003235915 A1 Div ex US 2000-646673 20000920, US 2002-131410 20020425  
FDT EP 1064379 A2 Based on WO 9947669; JP 2002506643 W Based on WO 9947669; EP 1236799 A2 Div ex EP 1064379  
PRAI DE 1998-19813839 19980320  
IC ICM C07K014-435; C12N015-09; C12N015-12; C12N015-85  
ICS A61K031-711; A61K038-00; A61K038-17; A61K048-00; A61P035-00; C07H021-04; C07K014-47; C07K016-18; C12N001-19; C12N001-21; C12N005-06; C12N005-10; C12N015-11; C12N015-62; C12N015-63; C12P021-02; G01N033-50  
AB DE 19813839 A UPAB: 19991122  
NOVELTY - Human nucleic acid sequences from tumor breast tissue are new.  
DETAILED DESCRIPTION - A nucleic acid sequence that encodes (part of) a gene product comprises:  
(a) a nucleic acid sequence (I), chosen from a group of 32 sequences (fully defined in the specification); (b) an allelic variant (II) of (I); or (c) a nucleic acid sequence (III), that is complementary to (I) or (II).  
INDEPENDENT CLAIMS are also included for: (1) a nucleic acid sequence (68 sequences fully defined in the specification), characterized in that it has increased expression in tumor breast tissue;  
(2) BAC, PAC and cosmid clones, containing functional genes and their chromosomal localization, corresponding to one of 76 sequences for use as vehicles for gene transfer;  
(3) a nucleic acid sequence comprising part of a sequence as above which is sufficiently large to hybridize to a sequence as above; (4) an expression cassette comprising a nucleic acid fragment or a sequence as above, together with at least a control or regulatory sequence;  
(5) a DNA fragment, comprising a gene, that is produced as a result of using a nucleic acid sequence as above; (6) a host cell containing genetic information for expression of a heterologous nucleic acid sequence as above;  
(7) a process for manufacturing a polypeptide or fragments, characterized in that the host cell above is cultivated; (8) an antibody against a polypeptide, which is encoded by a nucleic acid as above;  
(9) a polypeptide partial sequence having one of 60 sequences (fully defined in the specification); and (10) a genomic gene, its promoter, enhancer, silencer, exon and intron structure and splice variants, generated from cDNA having one of the 68 sequences.



ACTIVITY - Cytostatic.

MECHANISM OF ACTION - Gene Therapy.

USE - The nucleic acid sequences can be used to produce and isolate full-length gene sequences. They can be used to express proteins, which can be used as tools to find an activity against breast cancer. The sequences can be used in sense or antisense form. They are especially useful for medicaments for gene therapy to treat breast cancer. A total of 77 sequences given in the specification can be used for production of medicaments for treatment of breast cancer (all claimed). Dwg.0/5

FS CPI

FA AB; DCN

MC CPI: B04-C01; B04-E02F; B04-E04; B04-E06; B04-E08; B04-F0100E; B04-G05;  
B04-N04A; B11-C08E5; B12-K04A1; B12-K04E; B14-H01; B14-S03; D05-C12;  
D05-H11; D05-H12B1; D05-H12D2; D05-H14; D05-H17B6





⑯ BUNDESREPUBLIK  
DEUTSCHLAND  
  
DEUTSCHES  
PATENT- UND  
MARKENAMT

⑯ Offenlegungsschrift  
⑯ DE 198 13 839 A 1

⑯ Aktenzeichen: 198 13 839.3  
⑯ Anmeldetag: 20. 3. 98  
⑯ Offenlegungstag: 23. 9. 99

⑯ Int. Cl.<sup>6</sup>:  
**C 07 K 14/435**  
C 12 N 15/11  
C 07 H 21/04  
C 12 N 15/63  
C 12 N 1/21  
C 12 N 1/19  
C 12 N 5/10  
C 07 K 16/18  
A 61 K 38/17  
// (C12N 1/21,C12R  
1:19)G01N 33/68,  
33/15

DE 198 13 839 A 1

⑯ Anmelder:

metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,  
14195 Berlin, DE

⑯ Vertreter:

Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505  
Berlin

⑯ Erfinder:

Specht, Thomas, Dipl.-Bio.-Chem. Dr., 12209 Berlin,  
DE; Hinzmann, Bernd, Dipl.-Chem. Dr., 13127 Berlin,  
DE; Schmitt, Armin, Dipl.-Phys. Dr., 14197 Berlin,  
DE; Pilarsky, Christian, Dipl.-Biol. Dr., 01474  
Schönenfeld-Weißen, DE; Dahl, Edgar, Dipl.-Biol. Dr.,  
14480 Potsdam, DE; Rosenthal, André, Prof.  
Dipl.-Chem. Dr., 10115 Berlin, DE

**Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen**

- ⑯ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe  
⑯ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen  
-mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben.  
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

## Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d. h. Genen; die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotiden lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1–2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23–25, 27, 31, 36, 38, 39, 42–44, 46–48, 50–53, 55–59, 61–63, 67, 68.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23–25, 27, 31, 36, 38, 39, 42–44, 46–48, 50–53, 55–59, 61–63, 67, 68.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23–25, 27, 31, 36, 38, 39, 42–44, 46–48, 50–53, 55–59, 61–63, 67, 68 oder einer komplementären oder allelischen Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23–25, 27, 31, 36, 38, 39, 42–44, 46–48, 50–53, 55–59, 61–63, 67, 68 hybridisieren.

Die erfundungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfundungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23–25, 27, 31, 36, 38, 39, 42–44, 46–48, 50–53, 55–59, 61–63, 67, 68 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfundungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfundungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, φX174, pBlu-

# DE 198 13 839 A 1

escript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRITS (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pwLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, IISV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos. 72–76, 79–81, 84–92, 95–98, 102–104, 107–117, 119–127, 129–144, 147.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 72–76, 79–81, 84–92, 95–98, 102–104, 107–117, 119–127, 129–144, 147 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 68 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 71 bis 148 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomiche oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomiche Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Splicingvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomiche BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomichen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomichen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 68, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

5

10

15

20

25

30

35

45

50

55

60

65

## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomiche Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).

Singleton = Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

# DE 198 13 839 A 1

## Erklärung zu den Alignmentparametern

- minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich  
maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen  
5 maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %.

## Erklärung der Abbildungen

- 10 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq-Datenbank.  
Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung.  
Fig. 2b1–2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung.  
Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben.  
Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebspezifischen Expression über elektronischen Northern.  
Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern.  
15 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.  
Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfundungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfundung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

## Beispiel 1

20

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per 25 read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle 30 übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Gembereiche darstellten.

35 Fig. 2b1–2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, 40 die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens 45 fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

55 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

60 Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403–410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389–3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444–2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) 65 Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

# DE 198 13 839 A 1

## 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen. 5  
Das Ergebnis ist wie folgt:

### Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMCR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	10
Brust	0.0053	0.0458	0.1165 8.5843	
Eierstock	0.0030	0.0338	0.0899 11.1243	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	15
Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714 3.6843	
Gehirn	0.0085	0.0099	0.8601 1.1626	
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	20
Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599 0.7937	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2855 3.5025	25
Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.1066	0.0281 35.6161	
Prostata	0.0048	0.0043	1.1186 0 8939	
Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000	30
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			35
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			40
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			45
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock-Uterus	0.0228			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0082			55
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0128			
Sinnesorgane	0.0000			65

# DE 198 13 839 A 1

## 2.1.2.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 5 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

- 5 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft "macrophage migration inhibition factor related Protein 14(MRP-14)".

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5					
	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
10	Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
	Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
15	Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765
20	Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753
25	Magen-Speiseroehre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
30	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
35	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
45	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0449			
65	Sinnesorgane	0.0000			

# DE 198 13 839 A 1

## 2.1.3.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist. 5

Das Ergebnis ist wie folgt:

### Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998	10
Brust	0.0013	0.0153	0.0874 11.4458	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163 0.8958	15
Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214 0.8187	
Gehirn	0.0076	0.0055	1.3934 0.7177	
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0 0000	
Haut	0.0199	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606 0.3267	20
Herz	0.0106	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0183	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0100	0.0024	4.2137 0.2373	
Magen-Speiseröhre	0.0193	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710 1.7513	25
Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0048	0.0085	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321 4.3088	30
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			35
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			40
Entwicklung	0.0154			
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0041			45
Lunge	0.0111			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0499			
Sinnesorgane	0.0000			50
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0068			55
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0064			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0065			60
Hoden	0.0156			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			65

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

DE 198 13 839 A 1

### Elektronischer Northern für SEQ ID NO: 1

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef
	Brust	0.0040	0.0196	0.2039 4.9053
	Eierstock	0.0182	0.0156	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0219	0.0409	0.5358 1.8663
	Gastrointestinal	0.0174	0.0238	0.7328 1.3646
10	Gehirn	0.0534	0.0526	1.0160 0.9842
	Haematopoetisch	0.0154	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0398	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303 0.6535
	Herz	0.0519	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge	0.0224	0.0378	0.5926 1.6876
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5198 0.3968
	Muskel-Skelett	0.0411	0.0300	1.3704 0.7297
	Niere	0.0297	0.1232	0.2412 4.1459
20	Pankreas	0.0076	0.0276	0.2743 3.6460
	Penis	0.0389	0.0267	1.4600 0.6849
	Prostata	0.0119	0.0192	0.6215 1.6091
	Uterus	0.0248	0.0356	0.6963 1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0218		
25	Duenndarm	0.0156		
	Prostata-Hyperplasie	0.0238		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
		Entwicklung	0.0154	
		Gastrointenstinal	0.0216	
35		Gehirn	0.0188	
		Haematopoetisch	0.0079	
		Herz-Blutgefaesse	0.0368	
		Lunge	0.0481	
		Niere	0.0124	
40		Prostata	0.0000	
		Sinnesorgane	0.0279	
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
45		%Haeufigkeit		
		Brust	0.0204	
		Eierstock-Uterus	0.0320	
		Endokrines_Gewebe	0.0245	
		Foetal	0.0414	
50		Gastrointestinal	0.0000	
		Haematopoetisch	0.0171	
		Haut-Muskel	0.0745	
		Hoden	0.0312	
		Lunge	0.0082	
55		Nerven	0.0241	
		Prostata	0.0321	
		Sinnesorgane	0.0077	

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0046	0.0128	0.3637 2.7495	5
Brust	0.0067	0.0174	0.3822 2.6162	
Eierstock	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0082	0.2233 4.4791	
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281	
Gehirn	0.0339	0.0110	3.0964 0.3230	10
Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0183	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0137	0.0000	undef 0.0000	15
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300 1.5874	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7138 1.4010	
Niere	0.0030	0.0342	0.0868 11.5165	
Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143 1.9446	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0085	0.2797 3.5758	
Uterus	0.0116	0.0071	1.6246 0.6155	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
				30
	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0092			
Gehirn	0.0188			35
Haematopoetisch	0.0079			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0204			45
Eierstock-Uterus	0.0091			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0093			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			50
Haut-Muskel	0.0227			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0291			
Prostata	0.0000			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEO, ID: NO: 4

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0256	0.3637	2.7495
	Brust	0.0133	0.0283	0.4704	2.1256
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
10	Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0490	0.5582	1.7916
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0212	0.0164	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0259	0.5739	1.7426
	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0162	0.0165	0.9782	1.0223
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8899	0.5291
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5710	1.7513
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
20	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0234	0.9152	1.0926
	Uterus	0.0182	0.0214	0.8510	1.1751
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0218			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0218			
30			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointenstinal	0.0154			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0123			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
40	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
50	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
55	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	5
Brust	0.0053	0.0196	0.2718 3.6790	
Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686 0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071 2.4562	10
Gehirn	0.0076	0.0033	2.3223 0.4306	
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0129	0.7651 1.3069	
Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0050	0.0142	0.3511 2.8478	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857 1.4584	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0167	0.0122	1.3051 0.7662	
Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0062			25
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointenstinal	0.0062			35
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0041			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0062			40
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			45
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0023			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0047			
Gastrointestinal	0.0122			50
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			55
Prostata	0.0256			
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5	Blase	0.0186	0.0051	3.6370 0.2750
	Brust	0.0147	0.0261	0.5606 1.7838
	Eierstock	0.0182	0.0234	0.7791 1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0456	0.0245	1.8605 0.5375
	Gastrointestinal	0.0233	0.0190	1.2214 0.8187
10	Gehirn	0.0314	0.0230	1.3639 0.7332
	Haematopoetisch	0.0196	0.0378	0.5175 1.9325
	Haut	0.0199	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0388	0.1275 7.8416
	Herz	0.0328	0.0275	1.1947 0.8371
15	Hoden	0.0183	0.0351	0.5224 1.9144
	Lunge	0.0149	0.0284	0.5267 1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0460	0.4200 2.3811
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0480	0.4639 2.1554
	Niere	0.0208	0.0205	1.0130 0.9871
20	Pankreas	0.0246	0.0055	4.4569 0.2244
	Penis	0.0449	0.0267	1.6846 0.5936
	Prostata	0.0167	0.0383	0.4350 2.2987
	Uterus	0.0231	0.0214	1.0831 0.9233
	Brust-Hyperplasie	0.0109		
	Duenndarm	0.0125		
25	Prostata-Hyperplasie	0.0357		
	Samenblase	0.0356		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165		
30	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307		
	Gastrointenstinal	0.0247		
	Gehirn	0.0375		
35	Haematopoetisch	0.0118		
	Herz-Blutgefaesse	0.0204		
	Lunge	0.0296		
	Niere	0.0185		
	Prostata	0.0249		
40	Sinnesorgane	0.0279		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068		
45	Eierstock-Uterus	0.0068		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0093		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel	0.0097		
50	Hoden	0.0078		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0100		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0155		

55

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0139	0.0281	0.4959 2.0163	5
Brust	0.0080	0.0414	0.1931 5.1778	
Eierstock	0.0122	0.0260	0.4674 2.1393	
Endokrines_Gewebe	0.0274	0.0354	0.7728 1.2940	
Gastrointestinal	0.0252	0.0333	0.7561 1.3226	
Gehirn	0.0237	0.0175	1.3547 0.7382	10
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0149	0.1693	0.0881 11.3508	
Hepatisch	0.0149	0.0129	1.1477 0.8713	
Herz	0.0381	0.0412	0.9249 1.0812	
Hoden	0.0183	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0174	0.0615	0.2836 3.5259	15
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0383	0.2520 3.9685	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517 1.0508	
Niere	0.0208	0.0548	0.3799 2.6323	
Pankreas	0.0284	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0180	0.1066	0.1685 5.9360	20
Prostata	0.0119	0.0213	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0116	0.0285	0.4061 2.4622	
Brust-Hyperplasie	0.0109			
Duenndarm	0.0374			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			25
Samenblase	0.0356			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0307			
Gastrointenstinal	0.0216			
Gehirn	0.0188			35
Haematopoetisch	0.0079			
Herz-Blutgefaesse	0.0245			
Lunge	0.0259			
Niere	0.0062			
Prostata	0.0748			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			45
Eierstock-Uterus	0.0205			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0233			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0615			
Hoden	0.0078			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0181			
Prostata	0.0192			55
Sinnesorgane	0.0387			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0128	0.3637	2.7495
	Brust	0.0053	0.0218	0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
	Gehirn	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0297	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0137	0.4624	2.1624
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Lunge	0.0324	0.0189	1.7118	0.5842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0357	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0208	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0214	0.0085	2.5169	0.3973
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0031			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Entwicklung	0.0000		
		Gastrointenstinal	0.0062		
35		Gehirn	0.0000		
		Haematopoetisch	0.0039		
		Herz-Blutgefaesse	0.0041		
		Lunge	0.0148		
		Niere	0.0000		
40		Prostata	0.0000		
		Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
45		Brust	0.0000		
		Eierstock-Uterus	0.0068		
		Endokrines_Gewebe	0.0000		
		Foetal	0.0058		
50		Gastrointestinal	0.0244		
		Haematopoetisch	0.0000		
		Haut-Muskel	0.0130		
		Hoden	0.0000		
		Lunge	0.0246		
		Nerven	0.0020		
55		Prostata	0.0256		
		Sinnesorgane	0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0465	0.0051	9.0924 0.1100	5
Brust	0.0107	0.0458	0.2330 4.2922	
Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895 2.5671	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0082	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214 0.8187	
Gehirn	0.0042	0.0088	0.4838 2.0669	10
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0149	0.0129	1.1477 0.8713	
Herz	0.0064	0.1649	0.0385 25.9489	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144	
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534 0.9493	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0514	0.0120	4.2826 0.2335	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0310	0.0362	0.8554 1.1690	
Uterus	0.0116	0.0427	0.2708 3.6932	
Brust-Hyperplasie	0.0363			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0185			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0082			
Lunge	0.0185			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0140			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.1156			45
Eierstock-Uterus	0.0183			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0041			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0057			50
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0321			55
Sinnesorgane	0.0077			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0139	0.0179	0.7793 1.2831
	Brust 0.0133	0.0414	0.3219 3.1067
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0027	2.6791 0.3733
	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214 0.8187
10	Gehirn 0.0093	0.0153	0.6082 1.6441
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0199	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0129	0.3826 2.6139
	Herz 0.0085	0.0137	0.6166 1.6218
15	Hoden 0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0237	0.0213	1.1120 0.8993
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0180	0.5710 1.7513
	Niere 0.0030	0.0479	0.0620 16.1231
20	Pankreas 0.0038	0.0221	0.1714 5.8337
	Penis 0.0090	0.0533	0.1685 5.9360
	Prostata 0.0071	0.0085	0.8390 1.1919
	Uterus 0.0050	0.0214	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0182		
	Duenndarm 0.0062		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0331		
30			
		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
		Entwicklung 0.0000	
		Gastrointenstinal 0.0031	
35		Gehirn 0.0000	
		Haematopoetisch 0.0000	
		Herz-Blutgefaesse 0.0000	
		Lunge 0.0000	
		Niere 0.0000	
40		Prostata 0.0000	
		Sinnesorgane 0.0000	
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
			%Haeufigkeit
45		Brust 0.0340	
		Eierstock-Uterus 0.0023	
		Endokrines_Gewebe 0.0000	
		Foetal 0.0006	
		Gastrointestinal 0.0000	
50		Haematopoetisch 0.0057	
		Haut-Muskel 0.0032	
		Hoden 0.0000	
		Lunge 0.0656	
		Nerven 0.0030	
55		Prostata 0.0000	
		Sinnesorgane 0.0387	
60			

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEO. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750	5
Brust	0.0160	0.0545	0.2936	3.4065	
Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9744	
Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0048	0.0106	0.4475	2.2349	
Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0218				
Duenndarm	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0238				25
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044				
					30
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				
Gastrointenstinal	0.0031				
Gehirn	0.0125				35
Haematopoetisch	0.0039				
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0074				
Niere	0.0000				
Prostata	0.0249				40
Sinnesorgane	0.0000				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock-Uterus	0.0046				45
Endokrines_Gewebe	0.0000				
Foetal	0.0041				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				50
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0070				
Prostata	0.0128				
Sinnesorgane	0.0000				55

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0186	0.0128	1.4548 0.6874
	Brust 0.0093	0.0283	0.3293 3.0366
	Eierstock 0.0122	0.0026	4.6745 0.2139
	Endokrines_Gewebe 0.0237	0.0136	1.7414 0.5742
	Gastrointestinal 0.0271	0.0000	undef 0.0000
10	Gehirn 0.0068	0.0120	0.5630 1.7762
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0198	0.0065	3.0606 0.3267
	Herz 0.0307	0.0275	1.1176 0.8948
15	Hoden 0.0122	0.0234	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0125	0.0047	2.6336 0.3797
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0230	1.2599 0.7937
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0180	0.4758 2.1015
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
20	Pankreas 0.0038	0.0166	0.2286 4.3753
	Penis 0.0539	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0214	0.0341	0.6292 1.5892
	Uterus 0.0446	0.0142	3.1331 0.3192
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0093		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0149		
	Samenblase 0.0534		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0104		
30			
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0307		
	Gastrointenstinal 0.0308		
35	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0082		
	Lunge 0.0370		
	Niere 0.0062		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
45	Brust 0.0204		
	Eierstock-Uterus 0.0114		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0099		
50	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0285		
	Haut-Muskel 0.0130		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0110		
55	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0155		
60			
65			

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef	5
Brust	0.0080	0.0261	0.3058 3.2702	
Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597 3.8507	
Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0163	0.4465 2.2395	
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285 0.6141	
Gehirn	0.0076	0.0077	0.9953 1.0047	10
Haematopoetisch	0.0182	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000 undef	
Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0125	0.0165	0.7524 1.3290	15
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300 1.5874	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0149	0.0137	1.0854 0.9213	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168	
Penis	0.0090	0.0267	0.3369 2.9680	20
Prostata	0.0524	0.0341	1.5381 0.6501	
Uterus	0.0066	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointenstinal	0.0092			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0041			
Lunge	0.0259			
Niere	0.0247			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0183			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0181			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0285			50
Haut-Muskel	0.0324			
Hoden	0.0078			
Lunge	0.0246			
Nerven	0.0020			
Prostata	0.0705			55
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5	Blase	0.0093	0.0102	0.9092 1.0998
	Brust	0.0027	0.0196	0.1359 7.3580
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0381	0.1435 6.9675
	Gastrointestinal	0.0058	0.0143	0.4071 2.4562
	Gehirn	0.0076	0.0066	1.1612 0.8612
10	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef 0.0000
15	Lunge	0.0100	0.0165	0.6020 1.6612
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0095	0.0128	0.7458 1.3409
	Uterus	0.0066	0.0142	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0187		
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0356		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052		
30			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0123		
35	Gehirn	0.0188		
	Haematopoetisch	0.0118		
	Herz-Blutgefaesse	0.0123		
	Lunge	0.0185		
	Niere	0.0124		
40	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0140		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0068		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	- Foetal	0.0064		
50	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0130		
	Hoden	0.0312		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0070		
55	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0046	0.0077	0.6062 1.6497	5
Brust	0.0040	0.0240	0.1668 5.9954	
Eierstock	0.0030	0.0130	0.2337 4.2786	
Endokrines Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0271	0.0095	2.8499 0.3509	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef	10
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0448	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef	
Lunge	0.0087	0.0071	1.2290 0.8137	15
Magen-Speiseroehre	0.0869	0.0230	3.7798 0.2646	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0180	0.0533	0.3369 2.9680	20
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373 0.4470	
Uterus	0.0116	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0057			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0027	0.0196	0.1359 7.3580
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1461 6.8457
10	Endokrines_Gewebe 0.0182	0.0109	1.6745 0.5972
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0051	0.0099	0.5161 1.9377
15	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz 0.0085	0.0000	undef 0.0000
20	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0100	0.0071	1.4046 0.7120
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0188	0.0060	3.1406 0.3184
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
25	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0090	0.0533	0.1685 5.9360
	Prostata 0.0191	0.0106	1.7898 0.5587
	Uterus 0.0116	0.0071	1.6246 0.6155
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0062		
30	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0154		
	Gastrointenstinal 0.0062		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0118		
	Herz-Blutgefaesse 0.0245		
	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0136		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0082		
50	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0456		
	Haut-Muskel 0.0097		
	Hoden 0.0078		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0050		
55	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef undef	5
Brust	0.0120	0.0763	0.1573 6.3588	
Eierstock	0.0608	0.0234	2.5969 0.3851	
Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0245	0.2977 3.3593	
Gastrointestinal	0.0872	0.1000	0.8724 1.1462	
Gehirn	0.0017	0.0000	undef 0.0000	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0149	0.0388	0.3826 2.6139	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0050	0.0355	0.1405 7.1196	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000 undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	20
Prostata	0.0119	0.0958	0.1243 8.0455	
Uterus	0.0017	0.0214	0.0774 12.9263	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0436			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0470			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0247			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0205			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0052			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0321			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0040	0.0240	0.1668 5.9954
	Eierstock 0.0182	0.0078	2.3372 0.4279
	Endokrines_Gewebe 0.0164	0.0245	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal 0.0213	0.0190	1.1196 0.8932
	Gehirn 0.0144	0.0186	0.7741 1.2918
10	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0248	0.0065	3.8257 0.2614
	Herz 0.0138	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0428	0.0000	undef 0.0000
15	Lunge 0.0199	0.0165	1.2039 0.8306
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0230	0.4200 2.3811
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683 1.1517
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef 0.0000
20	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0119	0.0192	0.6215 1.6091
	Uterus 0.0132	0.0142	0.9283 1.0772
	Brust-Hyperplasie 0.0254		
	Duenndarm 0.0093		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044		
30			
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0062		
	Gehirn 0.0125		
35	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0111		
	Niere 0.0185		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0140		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
45	Brust 0.0000	
	Eierstock-Uterus 0.0068	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0058	
	Gastrointestinal 0.0488	
50	Haematopoetisch 0.0114	
	Haut-Muskel 0.0065	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0040	
55	Prostata 0.0385	
	Sinnesorgane 0.0000	

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0067	0.0261	0.2548 3.9243	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281	
Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741 1.2918	10
Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0042	0.0137	0.3083 3.2436	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0030	0.0137	0.2171 4.6066	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0000	undef 0.0000	
Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			45
Eierstock-Uterus	0.0046			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0228			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0064			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998
	Brust	0.0093	0.0218	0.4281 2.3359
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791 1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062 0.5536
10	Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0847	0.0587 17.0262
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0138	0.0137	1.0020 0.9980
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
15	Lunge	0.0112	0.0024	4.7404 0.2110
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0537	0.1800 5.5559
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758 2.1015
	Niere	0.0119	0.0274	0.4342 2.3033
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef 0.0000
20	Penis	0.0030	0.0267	0.1123 8.9040
	Prostata	0.0143	0.0043	3.3559 0.2980
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0062		
25	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070		
30			FOETUS %Haeufigkeit	
			Entwicklung	0.0000
			Gastrointestinal	0.0092
			Gehirn	0.0125
35			Haematopoetisch	0.0157
			Herz-Blutgefaesse	0.0041
			Lunge	0.0037
			Niere	0.0000
40			Prostata	0.0000
			Sinnesorgane	0.0000
				NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45			Brust	0.0000
			Eierstock-Uterus	0.0114
			Endokrines_Gewebe	0.0000
			Foetal	0.0029
			Gastrointestinal	0.0000
50			Haematopoetisch	0.0114
			Haut-Muskel	0.0000
			Hoden	0.0000
			Lunge	0.0000
			Nerven	0.0020
55			Prostata	0.0000
			Sinnesorgane	0.0000

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef	5
Brust 0.0040	0.0131	0.3058 3.2702	
Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal 0.0136	0.0048	2.8499 0.3509	
Gehirn 0.0059	0.0099	0.6021 1.6609	10
Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Haut 0.0597	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0230	0.8399 1.1905	
Muskel-Skelett 0.0069	0.0060	1.1420 0.8756	
Niere 0.0059	0.0068	0.8683 1.1517	
Pankreas 0.0038	0.0000	undef 0.0000	
Penis 0.0000	0.0000	undef undef	20
Prostata 0.0143	0.0213	0.6712 1.4899	
Uterus 0.0066	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie 0.0000			
Duenndarm 0.0093			
Prostata-Hyperplasie 0.0089			25
Samenblase 0.0178			
Sinnesorgane 0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
FOETUS			30
%Haeufigkeit			
Entwicklung 0.0154			
Gastrointestinal 0.0031			
Gehirn 0.0250			35
Haematopoetisch 0.0000			
Herz-Blutgefaesse 0.0245			
Lunge 0.0037			
Niere 0.0185			
Prostata 0.0000			40
Sinnesorgane 0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
%Haeufigkeit			
Brust 0.0136			45
Eierstock-Uterus 0.0297			
Endokrines_Gewebe 0.0000			
Foetal 0.0222			
Gastrointestinal 0.0000			
Haematopoetisch 0.0000			50
Haut-Muskel 0.0000			
Hoden 0.0000			
Lunge 0.0082			
Nerven 0.0030			
Prostata 0.0064			55
Sinnesorgane 0.0077			
60			
65			

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0046	0.0102	0.4546 2.1996
	Brust 0.0027	0.0174	0.1529 6.5404
	Eierstock 0.0152	0.0234	0.6492 1.5403
	Endokrines_Gewebe 0.0146	0.0327	0.4465 2.2395
	Gastrointestinal 0.0291	0.0095	3.0535 0.3275
10	Gehirn 0.0203	0.0252	0.8078 1.2380
	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0137	0.0118	1.1588 0.8630
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett 0.0206	0.0060	3.4261 0.2919
15	Niere 0.0327	0.0411	0.7960 1.2563
	Pankreas 0.0114	0.0221	0.5143 1.9446
	Penis 0.0329	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0286	0.0234	1.2203 0.8195
	Uterus 0.0165	0.0071	2.3208 0.4309
20	Brust-Hyperplasie 0.0145		
	Duenndarm 0.0187		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0122		

	FOETUS %Haeufigkeit
30	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0154
	Gehirn 0.0313
	Haematopoetisch 0.0039
	Herz-Blutgefaesse 0.0368
35	Lunge 0.0111
	Niere 0.0124
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
40	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0000
	Eierstock-Uterus 0.0228
	Endokrines_Gewebe 0.0245
45	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0171
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0156
50	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0090
	Prostata 0.0192
	Sinnesorgane 0.0000

55

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0040	0.0131	0.3058 3.2702	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396 0.7465	
Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143 1.2281	
Gehirn	0.0102	0.0077	1.3270 0.7536	10
Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0137	0.0000 undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634 3.7971	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428 7.0051	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0030	0.0267	0.1123 8.9040	20
Prostata	0.0000	0.0064	0.0000 undef	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0111			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			55
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0186	0.0102	1.8185 0.5499
	Brust	0.0053	0.0131	0.4077 2.4527
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008 1.9967
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023 1.9907
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786 1.4737
	Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871 2.5836
10	Haematopoetisch	0.0126	0.0378	0.3327 3.0061
	Haut	0.0348	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0148	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
15	Lunge	0.0050	0.0142	0.3511 2.8478
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300 1.5874
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130 0.5838
	Niere	0.0119	0.0479	0.2481 4.0308
	Pankreas	0.0038	0.0442	0.0857 11.6673
20	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0143	0.0149	0.9588 1.0429
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0093		
25	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0131		
30			FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0307		
	Gastrointestinal	0.0031		
35	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0118		
	Herz-Blutgefaesse	0.0082		
	Lunge	0.0037		
	Niere	0.0062		
40	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0000		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
45	Brust	0.0068		
	Eierstock-Uterus	0.0228		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0216		
	Gastrointestinal	0.0000		
50	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0648		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0050		
55	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249	5
Brust	0.0067	0.0131	0.5096 1.9621	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0042	0.0175	0.2419 4.1338	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0064	0.0412	0.1541 6.4872	
Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0062	0.0000	undef 0.0000	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428 7.0051	
Niere	0.0089	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef	20
Prostata	0.0095	0.0021	4.4745 0.2235	
Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0036	.	.	
Duenndarm	0.0000	.	.	
Prostata-Hyperplasie	0.0030	.	.	25
Samenblase	0.0000	.	.	
Sinnesorgane	0.0000	.	.	
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	.	.	
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0307			
Gastrointenstinal	0.0062			
Gehirn	0.0250			
Haematopoetisch	0.0197			35
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0185			
Niere	0.0062			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0558			40
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			45
Eierstock-Uterus	0.0091			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0012			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			50
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0070			
Prostata	0.0064			
Sinnesorgane	0.0000			55
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0080	0.0174	0.4587 2.1801
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0027	2.0093 0.4977
	Gastrointestinal 0.0019	0.0095	0.2036 4.9124
10	Gehirn 0.0034	0.0110	0.3096 3.2295
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz 0.0053	0.0137	0.3854 2.5949
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710 1.7513
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0019	0.0221	0.0857 11.6673
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0043	0.5593 1.7879
	Uterus 0.0050	0.0285	0.1741 5.7450
	Brust-Hyperplasie 0.0182		
	Duenndarm 0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0031		
35	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0037		
	Niere 0.0000		
40	Prostata 0.1247		
	Sinnesorgane 0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust 0.0068		
	Eierstock-Uterus 0.0023		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0064		
50	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0453		
	Hoden 0.0078		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0010		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N	
Blase	0.0000	0.0102	0.0000 undef	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223 8.1755	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843 1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465 2.2395	
Gastrointestinal	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0025	0.0307	0.0829 12.0569	10
Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef	
Lunge	0.0037	0.0000	undef 0.0000	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565 1.1675	
Niere	0.0000	0.0205	0.0000 undef	
Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	20
Prostata	0.0071	0.0043	1.6779 0.5960	
Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0226			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0197			35
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			40
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0204			45
Eierstock-Uterus	0.0023			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0000			50
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0128			
Sinnesorgane	0.0000			55
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0186	0.0153	1.2123 0.8249
	Brust 0.0133	0.0436	0.3058 3.2702
	Eierstock 0.0182	0.0130	1.4023 0.7131
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0191	0.3827 2.6128
	Gastrointestinal 0.0194	0.0095	2.0357 0.4912
	Gehirn 0.0237	0.0449	0.5287 1.8916
10	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz 0.0254	0.0550	0.4624 2.1624
	Hoden 0.0244	0.0000	undef 0.0000
15	Lunge 0.0224	0.0165	1.3544 0.7383
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0307	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0180	0.4758 2.1015
	Niere 0.0208	0.0205	1.0130 0.9871
	Pankreas 0.0114	0.0387	0.2939 3.4030
20	Penis 0.0120	0.0267	0.4492 2.2260
	Prostata 0.0214	0.0128	1.6779 0.5960
	Uterus 0.0066	0.0142	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0031		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0305		
30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung 0.1537		
	Gastrointenstinal 0.0401		
	Gehirn 0.1126		
35	Haematopoetisch 0.0472		
	Herz-Blutgefaesse 0.0164		
	Lunge 0.0481		
	Niere 0.0247		
40	Prostata 0.0499		
	Sinnesorgane 0.1954		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
45	Brust 0.0544		
	Eierstock-Uterus 0.0320		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0636		
	Gastrointestinal 0.0610		
50	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.1328		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0191		
55	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0046	0.0026	1.8185 0.5499	5
Brust	0.0027	0.0109	0.2446 4.0878	
Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349 2.9861	
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285 0.6141	
Gehirn	0.0263	0.0110	2.3997 0.4167	10
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0064	0.0275	0.2312 4.3248	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0112	0.0047	2.3702 0.4219	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565 1.1675	
Niere	0.0089	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0057	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0048	0.0064	0.7458 1.3409	
Uterus	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0063			35
Haematopoetisch	0.0079			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0249			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0136			45
Eierstock-Uterus	0.0091			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0047			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0227			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0246			
Nerven	0.0231			
Prostata	0.0064			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0139	0.0230	0.6062	1.6497
	Brust 0.0013	0.0131	0.1019	9.8107
	Eierstock 0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal 0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn 0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
15	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz 0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge 0.0224	0.0260	0.8619	1.1602
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere 0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
25	Pankreas 0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis 0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata 0.0191	0.0255	0.7458	1.3409
	Uterus 0.0132	0.0071	1.8567	0.5386
	Brust-Hyperplasie 0.0145			
	Duenndarm 0.0093			
30	Prostata-Hyperplasie 0.0208			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0183			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0123			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0041			
	Lunge 0.0037			
40	Niere 0.0124			
	Prostata 0.0748			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
45	Brust 0.0204			
	Eierstock-Uterus 0.0091			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0070			
50	Gastrointestinal 0.0366			
	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0356			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0010			
55	Prostata 0.0128			
	Sinnesorgane 0.0155			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0139	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223 8.1755	
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686 0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628 0.6399	
Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178 0.9825	
Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321 0.9689	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0248	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0037	0.0095	0.3950 2.5314	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420 0.8756	
Niere	0.0149	0.0068	2.1708 0.4607	
Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285 0.9723	
Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0048	0.0064	0.7458 1.3409	
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321 4.3088	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointenstinal	0.0062			
Gehirn	0.0063			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0041			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			45
Eierstock-Uterus	0.0091			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0111			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0057			
- Haut-Muskel	0.0453			50
Hoden	0.0078			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0100			
Prostata	0.0128			
Sinnesorgane	0.0000			55
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0051	0.0011	4.6446 0.2153
10	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
20	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
30		FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0031		
35	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0062		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0114		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
	Gastrointestinal 0.0122		
50	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
55	Prostata 0.0064		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N	
Blase	0.0046	0.0102	0.4546 2.1996	5
Brust	0.0000	0.0218	0.0000 undef	
Eierstock	0.0122	0.0442	0.2750 3.6368	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0136	0.0190	0.7125 1.4035	
Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106 9.0427	10
Haematopoetisch	0.0322	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef	
Lunge	0.0535	0.0473	1.1324 0.8831	15
Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0767	0.8819 1.1339	
Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Pankreas	0.0114	0.0055	2.0570 0.4861	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0071	0.0128	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0249			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1140			
FOETUS				30
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointenstinal	0.0154			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefaesse	0.0041			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0029			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0067	0.0131	0.5096 1.9621
	Eierstock 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0033	0.0000 undef
10	Haematopoetisch 0.0084	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0119	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
20	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0024	0.0043	0.5593 1.7879
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0031		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
30	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
35	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0124		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0046		
	Endokrines_Gewebe 0.0490		
	Foetal 0.0029		
	Gastrointestinal 0.0000		
50	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0131		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

DE 198 13 839 A 1

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249	5
Brust	0.0053	0.0283	0.1882 5.3141	
Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349 1.0696	
Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0300	1.1569 0.8644	
Gastrointestinal	0.0136	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0153	0.0131	1.1612 0.8612	10
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0199	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606 0.3267	
Herz	0.0127	0.0137	0.9249 1.0812	
Hoden	0.0122	0.0117	1.0447 0.9572	
Lunge	0.0212	0.0165	1.2792 0.7818	15
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662 1.5011	
Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0133	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.0533	0.0562 17.8081	20
Prostata	0.0167	0.0064	2.6101 0.3831	
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283 1.0772	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0125			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0235			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			35
Herz-Blutgefaesse	0.0041			
Lunge	0.0111			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			
Eierstock-Uterus	0.0274			45
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0204			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0421			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0151			
Prostata	0.0256			
Sinnesorgane	0.0542			50

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0027	0.0174	0.1529 6.5404
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0082	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Gehirn 0.0076	0.0000	undef 0.0000
10	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
15	Lunge 0.0087	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
20	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0021	1.1186 0.8939
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0031		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0070		
30	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
35	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0117		
	Gastrointestinal 0.0000		
50	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0070		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N	
Blase	0.0000	0.0128	0.0000 undef	5
Brust	0.0040	0.0218	0.1835 5.4504	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0058	0.0095	0.6107 1.6375	
Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000 undef	10
Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634 3.7971	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373 0.4470	
Uterus	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0185			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0006			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0228			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0128			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0053	0.0109	0.4893 2.0439
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
10	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge 0.0050	0.0024	2.1069 0.4746
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
20	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
30		FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
35	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
45	Brust 0.0340		
	Eierstock-Uterus 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0146		
	Gastrointestinal 0.0000		
50	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0130		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0181		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0077		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N	
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223 8.1755	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	
Gehirn	0.0008	0.0000	undef 0.0000	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0024	0.0000 undef	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef	20
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		35
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		40
	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		45
	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0029		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		50
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0010		
	Prostata	0.0064		55
	Sinnesorgane	0.0000		
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0153	0.0874 11.4458
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
10	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
20	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
30	 <b>FOETUS</b> %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
35	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	 <b>NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN</b> %Haeufigkeit		
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0023		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
50	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0139	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0093	0.0196	0.4757 2.1023	
Eierstock	0.0122	0.0078	1.5582 0.6418	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0110	0.0131	0.8386 1.1924	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739 13.5274	
Haut	0.0348	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0106	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144	
Lunge	0.0112	0.0095	1.1851 0.8438	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565 1.1675	
Niere	0.0089	0.0068	1.3025 0.7678	
Pankreas	0.0133	0.0055	2.3999 0.4167	
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0095	0.0043	2.2373 0.4470	
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283 1.0772	
Brust-Hyperplasie	0.0109			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
				30
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointenstinal	0.0092			
Gehirn	0.0125			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0082			
Lunge	0.0296			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0046			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0210			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0114	.		50
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0131			
Prostata	0.0000			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0232	0.0051	4.5462 0.2200
	Brust 0.0027	0.0153	0.1747 5.7229
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3895 2.5671
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0054	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0095	0.2036 4.9124
	Gehirn 0.0076	0.0099	0.7741 1.2918
10	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
	Herz 0.0053	0.0550	0.0963 10.3795
	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
15	Lunge 0.0037	0.0071	0.5267 1.8986
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0077	3.7798 0.2646
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0089	0.0068	1.3025 0.7678
	Pankreas 0.0076	0.0055	1.3713 0.7292
20	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0106	0.2237 4.4697
	Uterus 0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0062		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
30		FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
35	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0247		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0068		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
	Gastrointestinal 0.0122		
50	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0020		
55	Prostata 0.0128		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

DE 198 13 839 A1

Elektronischer Northern für SEO, ID, NO: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0013	0.0131	0.1019 9.8107	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843 1.7114	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	
Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386 0.8074	
Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0047	0.0000 undef	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0089	0.0068	1.3025 0.7678	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0000	0.0085	0.0000 undef	
Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0062			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0000			35
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0062			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0023			45
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			50

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
	Brust 0.0053	0.0196	0.2718 3.6790
	Eierstock 0.0061	0.0052	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0109	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal 0.0097	0.0143	0.6786 1.4737
	Gehirn 0.0059	0.0022	2.7094 0.3691
10	Haematopoetisch 0.0042	0.0378	0.1109 9.0183
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0138	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0122	0.0234	0.5224 1.9144
15	Lunge 0.0012	0.0071	0.1756 5.6957
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0120	0.4283 2.3350
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0095	0.0000	undef 0.0000
20	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0048	0.0085	0.5593 1.7879
	Uterus 0.0050	0.0071	0.6963 1.4363
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0093		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044		
30	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0307		
	Gastrointenstinal 0.0062		
35	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0118		
	Herz-Blutgefaesse 0.0164		
	Lunge 0.0148		
	Niere 0.0062		
40	Prostata 0.0499		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0137		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0187		
	Gastrointestinal 0.0244		
50	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0194		
	Hoden 0.0156		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0131		
55	Prostata 0.0321		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef	5
Brust	0.0040	0.0153	0.2621 3.8153	
Eierstock	0.0091	0.0286	0.3187 3.1376	
Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0327	0.5582 1.7916	
Gastrointestinal	0.0155	0.0095	1.6285 0.6141	
Gehirn	0.0127	0.0099	1.2902 0.7751	10
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0265	0.0275	0.9634 1.0380	
Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144	
Lunge	0.0149	0.0260	0.5746 1.7403	15
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2599 0.7937	
Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130 0.5838	
Niere	0.0208	0.0342	0.6078 1.6452	
Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0106	0.2237 4.4697	
Uterus	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0093			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
30				
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0062			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0236			35
Herz-Blutgefaesse	0.0286			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0062			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0279			40
35				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0114			45
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0210			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0421			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0050			
Prostata	0.0064			
Sinnesorgane	0.0155			50
50				
55				
60				
65				

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef
	Brust	0.0013	0.0065	0.2039 4.9053
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871 2.5836
10	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634 3.7971
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
20	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
30			FOETUS %Haeufigkeit	
			Entwicklung	0.0000
			Gastrointenstinal	0.0000
			Gehirn	0.0000
35			Haematopoetisch	0.0000
			Herz-Blutgefaesse	0.0000
			Lunge	0.0000
			Niere	0.0000
40			Prostata	0.0000
			Sinnesorgane	0.0000
				NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45			Brust	0.0000
			Eierstock-Uterus	0.0046
			Endokrines_Gewebe	0.0000
			Foetal	0.0064
			Gastrointestinal	0.0000
50			Haematopoetisch	0.0000
			Haut-Muskel	0.0065
			Hoden	0.0000
			Lunge	0.0164
			Nerven	0.0040
55			Prostata	0.0000
			Sinnesorgane	0.0000

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0053	0.0153	0.3495 2.8614	
Eierstock	0.0213	0.0234	0.9089 1.1002	
Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0518	0.3525 2.8368	
Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285 0.6141	
Gehirn	0.0136	0.0120	1.1260 0.8881	10
Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef	
Herz	0.0095	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0428	0.0117	3.6565 0.2735	
Lunge	0.0137	0.0142	0.9656 1.0356	15
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0600	0.0286 35.0255	
Niere	0.0178	0.0479	0.3721 2.6872	
Pankreas	0.0170	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0071	0.0383	0.1864 5.3637	
Uterus	0.0066	0.0071	0.9283 1.0772	
Brust-Hyperplasie	0.0218			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0218			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0154			
Gastrointenstinal	0.0123			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0039			
Herz-Blutgefaesse	0.0164			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0185			
Prostata	0.0249			40
Sinnesorgane	0.0140			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0434			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0210			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0972			
Hoden	0.0468			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0151			
Prostata	0.0321			55
Sinnesorgane	0.0310			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0232	0.0256	0.9092	1.0998
	Brust 0.0053	0.0131	0.4077	2.4527
	Eierstock 0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe 0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0042	0.0131	0.3225	3.1004
15	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge 0.0125	0.0118	1.0534	0.9493
	Magen-Speiseroehre 0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere 0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
25	Pankreas 0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis 0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata 0.0119	0.0170	0.6991	1.4303
	Uterus 0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0125			
30	Prostata-Hyperplasie 0.0119			
	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0307			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0236			
	Herz-Blutgefaesse 0.0041			
	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
40	Prostata 0.0748			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
45	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0205			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0128			
50	Gastrointestinal 0.0244			
	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0130			
	Hoden 0.0078			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0030			
55	Prostata 0.0128			
	Sinnesorgane 0.0000			

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase 0.0093	0.0051	1.8185 0.5499	5
Brust 0.0053	0.0153	0.3495 2.8614	
Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal 0.0039	0.0143	0.2714 3.6843	
Gehirn 0.0034	0.0164	0.2064 4.8443	10
Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch 0.0000	0.0194	0.0000 undef	
Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Lunge 0.0075	0.0047	1.5801 0.6329	15
Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett 0.0034	0.0180	0.1903 5.2538	
Niere 0.0059	0.0137	0.4342 2.3033	
Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168	
Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata 0.0024	0.0043	0.5593 1.7879	
Uterus 0.0066	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie 0.0073			
Duenndarm 0.0093			
Prostata-Hyperplasie 0.0030			25
Samenblase 0.0000			
Sinnesorgane 0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
			30
FOETUS			
%Haeufigkeit			
Entwicklung 0.0000			
Gastrointenstinal 0.0031			
Gehirn 0.0000			35
Haematopoetisch 0.0079			
Herz-Blutgefaesse 0.0000			
Lunge 0.0000			
Niere 0.0062			
Prostata 0.0000			40
Sinnesorgane 0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
%Haeufigkeit			
Brust 0.0000			45
Eierstock-Uterus 0.0046			
Endokrines_Gewebe 0.0000			
Foetal 0.0006			
Gastrointestinal 0.0000			
Haematopoetisch 0.0057			50
Haut-Muskel 0.0097			
Hoden 0.0000			
Lunge 0.0082			
Nerven 0.0050			
Prostata 0.0000			55
Sinnesorgane 0.0000			
			60
			65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Nortern für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0139	0.0102	1.3639 0.7332
	Brust 0.0080	0.0218	0.3669 2.7252
	Eierstock 0.0122	0.0182	0.6678 1.4975
	Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0191	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal 0.0097	0.0286	0.3393 2.9474
	Gehirn 0.0059	0.0110	0.5419 1.8454
10	Haematopoetisch 0.0280	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz 0.0127	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
15	Lunge 0.0100	0.0071	1.4046 0.7120
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0223	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0149	0.0137	1.0854 0.9213
	Pankreas 0.0133	0.0442	0.3000 3.3335
20	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0095	0.0128	0.7458 1.3409
	Uterus 0.0264	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0125		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0267		
	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
30	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0123		
35	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0118		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0111		
	Niere 0.0309		
40	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
45	Brust 0.0136		
	Eierstock-Uterus 0.0274		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0099		
	Gastrointestinal 0.0122		
50	Haematopoetisch 0.0228		
	Haut-Muskel 0.0324		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0131		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0077		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998	5
Brust	0.0067	0.0153	0.4368 2.2892	
Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0136	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0136	0.0143	0.9500 1.0527	
Gehirn	0.0144	0.0088	1.6450 0.6079	10
Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0042	0.0137	0.3083 3.2436	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0062	0.0095	0.6584 1.5189	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0997	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952 10.5076	
Niere	0.0119	0.0137	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0095	0.0110	0.8571 1.1667	
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0071	0.0128	0.5593 1.7879	
Uterus	0.0099	0.0071	1.3925 0.7181	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0218			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
				30
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0157			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			45
Eierstock-Uterus	0.0068			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0029			
Gastrointestinal	0.0366			
Haematopoetisch	0.0171			50
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0078			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0080			
Prostata	0.0064			55
Sinnesorgane	0.0077			
				60
				65

DE 198 13 839 A 1

### Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0204	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
30			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
45	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0320			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0367			
50	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0000			
55	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

60

65

DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEO, ID. NO: 57

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998	5
Brust	0.0027	0.0109	0.2446 4.0878	
Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059 0.2852	
Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871 2.5836	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0847	0.0000 undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0050	0.0000	undef 0.0000	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143 1.9446	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef	
Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0031			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			35
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0122			45
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0050			
Prostata	0.0128			
Sinnesorgane	0.0000			50

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0173	0.0523	0.3313 3.0187
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
10	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
20	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0024	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0066	0.0285	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0073		
	Duenndarm 0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
30		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
		Entwicklung 0.0000	
		Gastrointenstinal 0.0000	
		Gehirn 0.0000	
35		Haematopoetisch 0.0000	
		Herz-Blutgefaesse 0.0000	
		Lunge 0.0000	
		Niere 0.0000	
40		Prostata 0.0000	
		Sinnesorgane 0.0000	
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
			%Haeufigkeit
45		Brust 0.0000	
		Eierstock-Uterus 0.0000	
		Endokrines_Gewebe 0.0000	
		Foetal 0.0000	
		Gastrointestinal 0.0000	
50		Haematopoetisch 0.0000	
		Haut-Muskel 0.0000	
		Hoden 0.0000	
		Lunge 0.0000	
		Nerven 0.0000	
55		Prostata 0.0128	
		Sinnesorgane 0.0000	

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0046	0.0051	0.9092 1.0998	5
Brust	0.0013	0.0109	0.1223 8.1755	
Eierstock	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071 2.4562	
Gehirn	0.0025	0.0066	0.3871 2.5836	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0061	0.0234	0.2612 3.8288	
Lunge	0.0025	0.0095	0.2634 3.7971	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0030	0.0068	0.4342 2.3033	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0024	0.0000	undef 0.0000	
Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0089	.		25
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
FOETUS				30
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0082			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0185			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0068			45
Eierstock-Uterus	0.0160			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0035			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0020			
Prostata	0.0064			55
Sinnesorgane	0.0155			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0109	0.1223 8.1755
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe 0.0091	0.0245	0.3721 2.6874
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0017	0.0022	0.7741 1.2918
10	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
15	Lunge 0.0050	0.0024	2.1069 0.4746
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
20	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0024	0.0085	0.2797 3.5758
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Duenndarm 0.0031		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
30	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0031		
	Gehirn 0.0000		
35	Haematopoetisch 0.0157		
	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit		
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0068		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0128		
	Gastrointestinal 0.0000		
50	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0162		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0020		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

DE 198 13 839 A 1

## Elektronischer Northern für SEO, ID. NO: 62

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N	
Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef	5
Brust	0.0080	0.0153	0.5242 1.9076	
Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686 0.8557	
Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0109	0.5023 1.9907	
Gastrointestinal	0.0078	0.0238	0.3257 3.0703	
Gehirn	0.0051	0.0077	0.6635 1.5071	10
Haematopoetisch	0.0140	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0099	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0050	0.0047	1.0534 0.9493	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0059	0.0068	0.8683 1.1517	
Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	20
Prostata	0.0048	0.0021	2.2373 0.4470	
Uterus	0.0033	0.0214	0.1547 6.4632	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0031			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0079			35
Herz-Blutgefaesse	0.0041			
Lunge	0.0074			
Niere	0.0185			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0140			40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0091			45
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0087			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0156			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0697			50

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0046	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0000	0.0109	0.0000 undef
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0034	0.0044	0.7741 1.2918
10	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge 0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere 0.0059	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
20	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0036		
	Duenndarm 0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
30	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0092		
35	Gehirn 0.0125		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0082		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0062		
40	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
45	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0046		
	Endokrines_Gewebe 0.0490		
	Foetal 0.0058		
	Gastrointestinal 0.0000		
50	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0046	0.0665	0.0699 14.2976	5
Brust	0.0080	0.0436	0.1835 5.4504	
Eierstock	0.0061	0.0234	0.2597 3.8507	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0213	0.0571	0.3732 2.6795	
Gehirn	0.0008	0.0000	undef 0.0000	10
Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0087	0.0142	0.6145 1.6273	15
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0119	0.0205	0.5789 1.7275	
Pankreas	0.0133	0.0276	0.4800 2.0835	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	20
Prostata	0.0119	0.0106	1.1186 0.8939	
Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544	
Brust-Hyperplasie	0.0073			
Duenndarm	0.0343			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			25
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0092			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0476			45
Eierstock-Uterus	0.0274			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0052			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0064			
Sinnesorgane	0.0000			55
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0053	0.0174	0.3058 3.2702
	Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372 0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791 0.3733
	Gastrointestinal	0.0097	0.0048	2.0357 0.4912
	Gehirn	0.0059	0.0055	1.0837 0.9227
10	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
15	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290 0.8137
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857 1.4584
20	Penis	0.0120	0.0267	0.4492 2.2260
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963 1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087		
30		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0154		
	Gehirn	0.0000		
35	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
40	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
45	Brust	0.0136		
	Eierstock-Uterus	0.0046		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0082		
	Gastrointestinal	0.0000		
50	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0032		
	Hoden	0.0156		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0040		
55	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0093	0.1508	0.0616 16.2223	5
Brust	0.0013	0.0392	0.0340 29.4320	
Eierstock	0.0152	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930	
Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642 0.2729	
Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289 1.0765	10
Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0249	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0261	0.0307	0.8508 1.1753	15
Magen-Speiseroehre	0.1062	0.0230	4.6197 0.2165	
Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517 1.0508	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Pankreas	0.0114	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.1258	0.1600	0.7862 1.2720	20
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus	0.0826	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0036			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			25
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			
				30
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0062			
Gehirn	0.0000			35
Haematopoetisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0037			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			40
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			45
Eierstock-Uterus	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0052			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0057			50
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0410			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0449			55
Sinnesorgane	0.0000			
				60
				65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185 0.5499
	Brust	0.0013	0.0044	0.3058 3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0068	0.0055	1.2386 0.8074
10	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
15	Lunge	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas	0.0057	0.0000	undef 0.0000
20	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0786	0.0554	1.4198 0.7043
	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0000		
25	Prostata-Hyperplasie	0.1011		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
30			FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0062		
35	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0037		
	Niere	0.0000		
40	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
45	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0082		
50	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0078		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0030		
55	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		

60

65

# DE 198 13 839 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0000	0.0179	0.0000 undef	
Brust	0.0013	0.0065	0.2039 4.9053	5
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871 2.5836	10
Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0012	0.0047	0.2634 3.7971	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	20
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Duenndarm	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			25
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			30
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			35
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Niere	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			40
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock-Uterus	0.0046			45
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0064			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			50
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			55

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

60

65

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

5 Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992–4999) (Contig-Bildung).
- 10 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann.

15 Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  (i: Index der Iteration) fortgesetzt bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

20 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplett oder annähernd komplett Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden.

25 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

30

35

40

45

50

55

60

65

TABELLE I

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der ange- mel- längen Sequenz	Chromos. Lokali- sation	
1	ca. 5 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane NADH-ubiquinone oxidoreductase MLRQ-Untereinheit; sie stellt ein Enzym der Elektronen-Transportkette dar	265	513	unbkt.	5
2	ca. 9 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	17-kDa Interferon-induziertes Gen über dessen Funktion nicht bekannt ist	238	670	unbkt.	10
3	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Nierentumor als im entspr. Normalgewebe	vermutlich humanes Gegenstück des 5E5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich vermutlich um einen Transkriptionsfaktor	214	1845	unbkt.	15
4	ca. 6 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein", gehört zu einem "Proteinase-Scavanging-System" (fängt Proteinase-Aktivität ab)	238	1499	humane Chromosom 4p16;3	20
5	ca. 30 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 16 x stärker im Blasentumor als im entspr. Normalgewebe	"macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)", spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation	209	688	unbkt.	25
6	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane lamin B2 (LAMB2) Gen, Lamins bilden die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt, sie spielt eine wichtige Rolle in der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription	268	909	STS nicht kartiert.	30
7	ca. 4 x stärker im Pankreas als im entspr. Normalgewebe	regulatorische Untereinheit eines RNA-bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde	260	930	unbkt.	35
						40
						45
						50
						55
						60
						65

Lfd.	Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. -	Länge der ange- mel- te Länge Sequenz	EST Ausg. -	Länge der Chromos.
8	ca. 5 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxiredoxin-Familie), es schützt die Zelle vor oxidativen Prozessen.		260	989	unbekt.	
9	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt		276	2017	unbekt.	
10	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 9x stärker im Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Fibromodulin, es stellt ein Proteoglykan des Knorpels dar		252	2233	Hum Chro m. 1 zw. D1S477u D1S504 (219-222 cM)	
11	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 16 x stärker im Nierentumor als im entspr. Normalgewebe	humanes "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt und reguliert über die Actine die Zellbeweglichkeit		252	1365	Hum.Chro m. 2 zw. D2S289u. D2S388 (107-111 cM)	
12	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 13 x stärker im Herztumor als im entspr. Normalgewebe	Östrogen-induzierbares Gen, dessen Funktion noch nicht verstanden ist		273	1597	Hum.Chro m. 18 zw. D18S1114 u.D18S468 (61-64 cM)	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemei- lung Sequenz	Chrom. Lokalisa- tion	
13	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	humane "integrin-linked Kinase (ILK)", steuert den Zusammensetzenbau der Fibrinogen-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin, ILK-überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen	296	1780	Hum.Chro m. 11 zw. D11S1318 u. D11S1338 (6-14 cM)	5
14	ca. 4 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, humanes HISTONE H2B2	301	892	Hum.Chro m. 6 zw. D6276U. D6S439 (44-48 cM)	10
						15
						20
						25
						30
						35
						40
						45
						50
						55
						60
						65

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der Ange- mel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
15	ca. 7 x stärker im Brusstumor als im entspr. Normalgewebe	humane Gegenstück des Enhancers des Drosophila "rudimentary"-Gens ("human enhancer of rudimentary homolog"), spielt möglicherweise eine Rolle im Pyrimidin-Stoffwechsel	263	992	Hum Chro m. 14 zw. D14S63 u. D14S251 (59-65 cM) unbekt.
16	ca. 11 x stärker im Brusstumor als im entspr. Normalgewebe	menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist	260	1196	
17	ca. 6 x stärker im Brusstumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	293	1105	unbekt.
18	ca. 7 x stärker im Brusstumor und im Blasentumor als im entspr. Normalgewebe	neues humanes Gen mit Ähnlichkeit zum Maus "synaptosomal associated protein"	272	2006	Hum Chro m. 7, zw. D7S499 u. D7S2429 (76-77 cM)
19	in Brusstumoren erhöht	human intestinal trefoil factor	246	834	unbekt.
20	in Brusstumoren erhöht	humane RNA polymerase II transcription factor	279	765	Chromo m 13
21	ca. 4 x stärker im Brusstumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, hat geringe Homologie zu einem humanen Homeobox-Gen	245	779	unbekt.
22	ca. 2 x stärker im Brusstumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 17 x stärker im Hauttumor als im entspr. Normalgewebe	humane JAK1 Tyrosinkinase, ein US-Patent besteht	282	2327	STS nicht kartiert.
23	ca. 3 x stärker im Brusstumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	260	911	unbekt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST	Länge der Ange- mel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
			Ausg.- länge		
24	ca. 7 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, möglicherweise humanes Gegenstück eines Gens von <i>arabidopsis thaliana</i> (Chromosom 1)	264	595	unbkt.
25	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt, vermutlich humanes Gegenstück eines Gens von <i>caenorhabditis elegans</i> , das auf Cosmid R11H6 lokalisiert ist	251	886	unbkt.
26	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe	humane "macropain subunit zeta", ein Proteinbestandteil eines Proteosoms, das den Abbau von Proteinen und möglicherweise auch von RNA reguliert	239	1008	unbkt.
27	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 4 x stärker im Uterustumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	269	2273	unbkt.
28	ca. 2 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 6 x stärker im Uterustumor als im entspr. Normalgewebe	humanes Cyclin D1, ein US-Patent besteht, gemäß einer Veröffentlichung wird Cyclin D1 in Pankreastumoren überexprimiert	252	3448	unbkt.
29	ca. 8 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 12 x stärker im Gehintumor als im entspr. Normalgewebe	Ribonuklease 6-Vorläufer-Molekül	281	1579	STS nicht kartiert
30	ca. 3 x stärker im Brusttumor als im entspr. Normalgewebe, ca. 3 x stärker im Pankreastumor als im entspr. Normalgewebe	humanes 80K-L Protein, ein Substrat der Protein-Kinase C	270	3070	STS fehlt I

5                    10                    15                    20                    25                    30                    35                    40                    45                    50

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
31	ca. 4 x stärker im Brusstumor als im entspr. Normalgewebe	unbekannt	291	2751	unbekt.
33	Expression in Brusstumoren stark erhöht	Benzodiazepin-Rezeptor	275	890	KEINE ANGABE
35	im Brusstumor stark erhöht	Ubiquinon Oxidoreduktase	287	693	KEINE ANGABE
36	im Brusstumor stark erhöht	neue ATPase, welche zur Familie der Kinesine gehört (humanes Homolog zu KIF2)	282	1054	KEINE ANGABE
37	erhöht in Brust- sowie mehreren anderen (Gehirn-, Blase-, Eierstocktumoren)	Lysozym	155	541	KEINE ANGABE
38	erhöht in Brust- und Prostatatumoren	unbekannt	291	1187	KEINE ANGABE
39	in Brust- und Penistumoren stark erhöht	putative Serin-/Threoninkinase	239	2281	STS WI-13202 (Chrom. 6, Koordinate 761 CentiRays)

Lfd Nr.	Expression	Funktion	EST Auss.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
40	im Brusstumor stark erhöht	putatives Kupfer-Aufnahme Gen	271	1759	STS WI-11879 (Chrom. 9, Koordinate 429.1 CentiRays)
41	im Brusstumor stark erhöht	Alpha Galaktosidase A	245	1447	KEINE ANGABE
42	im Brusstumor stark erhöht	neues Homologes zu humanem B-cell Wachstumsfaktor (BCGF1)	151	831	KEINE ANGABE
43	im Brusstumor stark erhöht	unbekannt	263	528	KEINE ANGABE
44	im Brusstumor sehr stark erhöht	unbekannt	270	1027	Siehe PAC
45	in hämatopoetischen und Brusstumoren erhöht	Phosphatase	303	2160	KEINE ANGABE
46	im Brusstumor erhöht	HUMANES Homologes zu einem Maus co- Chaperonin	323	642	KEINE ANGABE
47	im Brusstumor stark erhöht	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11	266	1415	KEINE ANGABE
48	im Brusstumor erhöht	RNA-Helicase	261	2949	KEINE ANGABE
49	in Brust-, Blasen und Prostatatumoren erhöht	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist	268	665	KEINE ANGABE
50	im Brusstumor erhöht	unbekannt	173	904	

5  
10  
15  
20  
25  
30  
35  
40  
45  
50  
55  
60  
65

Lfd Nr.	Expression	Funktion	Ausg.- länge	EST Sequenz	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokali- sation
51	erhöht in Brust- sowie Prostata- und Skelettmuskeltumoren	neue humane ATPase	291	1239	KEINE ANGABE	
52	in Gehirn-, Brust-, Penis- und Pankreastumoren erhöht	unbekannt	260	966	KEINE ANGABE	
53	erhöht in Brust- sowie mehreren anderen Tumoren (Gastrointestinal, Gehirn, Niere, Pankreas, Prostata)	Homologes zum NAG-2 Gen	250	556	KEINE ANGABE	
54	in Brust-, Pankreas- sowie Gastrointestinaltumoren erhöht	Arginin Methyltransferase	295	1349	KEINE ANGABE	
55	in Brust- sowie anderen Tumoren (Herz, Skelettmuskel, Prostata) erhöht	unbekannt	284	2021	Chromoso m 17	
56	nur im Brusstumor gefunden	Stromelysin	262	900	KEINE ANGABE	
57	im Brusstumor erhöht	humanes GTP bindendes Protein	272	1212	Keine Angabe	
58	im Brusstumor erhöht	Homologes zu Prostata bindendem Protein, Untereinheit C-1	242	494	Chrom. 11q12 pac pDJ363p2	
59	im Brusstumor erhöht	unbekannt	173	729	Keine Angabe	
61	im Brusstumor erhöht	Glucose-6-phosphate dehydrogenase Homolog	241	1315	Keine Angabe	
62	in Brust- und Uterustumoren erhöht	unbekannt	219	2011		

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST	Länge der ange- mel- ten Sequenz	Chrom Lokalisat.
63	im Brusttumor stark erhöht	unbekannt	246	2009	STS SHGC-32788 (Chrom.1, Koordinate 5089.0 Centirays)
64	in Brust- und Blasentumoren stark erhöht	Ets Transkriptionsfaktor	256	2269	Keine Angabe
65	im Brusttumor erhöht	IL13 Rezeptor alpha-1 Kette	246	1874	STS SHGC-34461 (
66	in Blasen- und Brusttumoren stark erhöht	Inhibition der Zellteilung und der Makrophagen Aktivität. Protein-Kinasen Inhibitor	238	687	
67	im Brusttumor erhöht	möglicherweise eine Dehydrogenase	218	1528	
68	In Brusttumoren erhöht.	unbekannt	173	904	

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

## DE 198 13 839 A 1

Tabelle II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.		Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No.
5	3	71
	9	72
		73
		74
		75
10		76
	14	77
	16	78
	17	79
		80
15	18	81
	19	82
	20	83
	21	84
		85
20		86
		87
	23	88
		89
25	24	90
	25	91
	27	92
		93
	29	94
	31	95
30		96
		97
		98
	33	99
		100
35	35	101
	36	102
	38	103
	39	104
	40	105
40	41	106
	42	107
	43	108
		109
		110
45	44	111
		112
		113
	46	114
50	47	115
		116
	48	117
	49	118
		119
	50	120
55	51	121
		122
	52	123
		124
		125
60	53	126
		127
	54	128
	55	129
		130
65		131
		132
		133

# DE 198 13 839 A 1

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORFs) Seq. ID. No.	
56	134	
	135	
57	136	5
58	137	
59	138	
	139	
61	140	
62	141	10
63	142	
	143	
	144	
64	145	
66	146	15
67	147	
68	148	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll 20 beschrieben.

25

30

35

40

45

50

55

60

65

## (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

- 5           (i) ANMELDER:  
              (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH  
              (B) STRASSE: Ihnestrasse 63  
              (C) STADT: Berlin  
              (D) LAND: Deutschland  
              (E) POST CODE (ZIP): D-14195  
              (F) TELEFON: (030)-8413 1672  
              (G) TELEFAX: (030)-8413 1671  
              (H) 15

20           (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus  
              Brusttumorgewebe

25           (iii) Anzahl der Sequenzen: 143

- 30           (iv) COMPUTER READABLE FORM:  
              (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk  
              (B) COMPUTER: IBM PC compatible  
              (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
              (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

35           (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

- 40           (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
              (A) LÄNGE: 513 Basenpaare  
              (B) TYP: Nukleinsäure  
              (C) STrang: einzeln  
              (D) TOPOLOGIE: linear

45           (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
              hergestellte partielle cDNA

50           (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55           (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 60           (vi) HERKUNFT:  
              (A) ORGANISMUS: MENSCH  
              (C) ORGAN:

- 65           (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
              (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

CCTTCAGGTA	GGAGGTCCCTG	GGTGACTTTG	GAAGTCCGTA	GTGTCTCATT	GCAGATAATT	60
TTTAGCTTAG	GGCCTGGGGG	CTAGGTCGGT	TCTCTCCTT	CCAGTCGGAG	ACCTCTGCCG	120
CAAACATGCT	CCGCCAGATC	ATCAGTCAGG	CCAAGAAGCA	TCCGAGCTTG	ATCCCCCTCT	180
TTGGATTTAT	TGGAACCTGGA	GCTACTGGAG	CAACACTGTA	TCTCTTGCCT	CTGGCATTGT	240
TCAATCCAGA	TGTTTGTGCG	GACAGAAATA	ACCCAGAGCC	CTGGAACAAA	CTGGGTCCCA	300
ATGATCAATA	CAAGTTCTAC	TCAGTGAATG	TGGATTACAG	CAAGCTGAAG	AAGGAACGTC	360
CAGATTCTA	AATGAAATGT	TTCACTATAA	CGCTGCTTTA	GAATGAAGGT	CTTCCAGAAG	420
CCACATCCGC	ACAATTTTCC	ACTAACCGAG	GAAATATTTC	TCCTCTAAAT	GCATGAAATC	480
ATGTTGGAGA	TCTCTATTGT	AATCTCTATT	GGN			513

5

10

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

- (A) LÄNGE: 670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

40

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2:

atagggccgg	tgctgcctgc	ggaagccggc	ggctgagagg	cagcgaactc	atctttgccca	60
gtacaggagc	tcgtgcctgt	gcccacagcc	cacagccac	agccatggc	tgggacctga	120
cggtaagat	gctggcgccc	aacgaattcc	aggtgtccct	gagcagctcc	atgtcggtgt	180
cagaagctaa	ggcgccatc	accagaaga	tcggcgtgca	cgccctccag	cagcgtctgg	240
ctgtccaccc	gagcggtgt	gcgtcgcagg	acagggtccc	ccttgcgcag	cagggcctgg	300
gccccggcag	cacggctctg	ctgggtgtgg	acaaatgcga	cgaacctctg	agcatcctgg	360
tgaggaataa	caagggccgc	agcagcacct	acgagggtcg	gctgacgcag	accgtggccc	420
acctgaagca	gcaagtgagc	gggtggagg	gtgtgcagga	cgacctgttc	tggctgacct	480
tcgagggaa	gccccctggag	gaccagctcc	cgctggggga	gtacggcctc	aagccccctga	540
gcaccgtgtt	catgaatctg	cgcctgcggg	gaggcggcac	agagcctggc	gggcggagct	600
aagggcctcc	accagcatcc	gagcaggatc	aaggccgga	aataaaggct	gttgtaaaga	660
aaaaaaa						670

55

60

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3 :

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

      ggtgccgtca cgggacagag cagtcggta caggacagag cagtcggta cgggacacag  60
35      tggttggta cgggacagag cggtcggta cagcctcaag ggcttcagca cccgcggcat 120
      ggcagagcca gaccgactca gattcagact ctgagggagg agccgctgtt ggagaagcag 180
      acatggactt cctgcggaaac ttattctccc agacgctcag cctgggcagc cagaaggagc 240
      gtctgctgga cgagctgacc ttgaaagggg tggcccggtt catgcagagc gaacgctgtc 300
      gcagagtcat ctgtttggtg ggagctggaa tctccacatc cgcaggcatc cccgactttc 360
      gctctccatc caccggccctc tatgacaacc tagagaagta ccatcttccc tacccagagg 420
      ccatcttga gatcagctat ttcaagaaac atccggaaacc cttcttcgccc ctcgccaagg 480
      aactcttatcc tgggcagttc aagccaacca tctgtcacta cttcatgcgc ctgctgaagg 540
      acaaggggct actcctgcgc tgctacacgc agaacataga taccctggag cgaatagccg 600
      ggcttggaaaca ggaggacttg gtggaggcgc acggcacctt ctacacatca cactgcgtca 660
      ggccaagtgc cggcacgaat acccgctaag ctggatgaaa gagaagatct tctctgaggt 720
      gacgccccaaag ttgtaaagact gtcagagcct ggtgaaggct gatatcgtct ttttggta 780
      gagcctccca ggcgcgtttct tctcctgtat gcagtcagac ttcctgaagg tggacctcc 840
      cctggtcatg ggtacctct tgcaggtgca gccccttgc tccctcatca gcaaggcacc 900
      cctctccacc cctcgcctgc tcataacaa ggagaaagct ggccagtcgg accctttct 960
      gggatgatt atgggcctcg gaggaggcat ggactttgac tccaaagaagg cctacaggga 1020
      cgtggcctgg ctgggtgaat ggcgaccagg ctgcctggcc tttgctgagc tccttggatg 1080
      gaagaaggag ctggaggacc ttgtccggag ggagcacgcc agcatagatg cccagtccgg 1140
      ggcgggggtc cccaaaccca gcacttcagc ttcccccaag aagtccccgc cacctgcca 1200
      ggacgaggcc aggacaaacag agagggagaa accccagtga cagctgcata tcccaggcgg 1260
      gatgccgagc tcctcagga cagctgagcc ccaaccggc ctggccccct cttaaaccagc 1320
      agttcttgc tggggagtc agaacatccc ccaatcttt acagctccct ccccaaact 1380
      ggggtcccag caacccttgc ccccaacccc agcaaatctc taacacctcc tagaggccaa 1440
      ggcttaaaca ggcataacta ccagccccac tgcctctaact cactcctggg ctaaggagta 1500
      acctccctca tctctaactg ccccccacggg gccagggtta ccccagaact tttaactt 1560
      ccaggacagg gagcttcggg ccccccactt gtctcctgcc cccggggcc tggctaaag 1620
      taaaccatac ctaacacctacc ccagtgtggg tggggcttc tgaatctaacc ccaacccag 1680
      ctagggggta gtcgtagccg ggagggctcc cgagtctctg cttcagtc ccaaagtggg 1740

```

# DE 198 13 839 A 1

tggtgggccc ccttcacgtg ggaccactt cccatgctgg atggcagaa gacattgctt1800  
 attggagaca aattaaaaac aaaaacaact aacaaaaaaaaaaa aaaaaa 1845

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1499 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

35

cggctcgagg gcgccgcgga gggcaggc gtttctgcgc gggctccgg cgctgctact 60  
 gctgctgctc ttccctgggc cctggccgc tgcgagccac ggcggcaagt actcgcggga 120  
 gaagaaccag cccaagccgt ccccgaaacg cgagtcggga gaggagttcc gcatggagaa 180  
 gttgzaaccag ctgtgggaga agggccagcg actgcattt cctccgtga ggctggccga 240  
 gctccacgct gatctgaaga tacaggagag ggacgaactc gcctggzaga aactaaagct 300  
 tgacggcttg gacgaagatg gggagaagga agcgagactc atacgcaacc tcaatgtcat 360  
 cttggccaag tatggcttgg acggaaagaa ggacgctcgg caggtgacca gcaactccct 420  
 cagtgccacc caggaagacg ggctggatga ccccgaggctg gaaaagctgt ggcacaaggc 480  
 gaagacctct gggaaattct ccggcgaaga actggacaag ctctggcggg agttcctgca 540  
 tcacaaagag aaagttcacg agtacaacgt cctgctggag accctgagca ggaccgaaga 600  
 aatccacgag aacgtcatta gcccctcgga cctgagcgc acataaggcga gcgtcctgca 660  
 cagcaggcac acggagctga aggagaagct ggcgcgattc aaccagggcc tggaccgcct 720  
 ggcgcaggc acggcaccagg gctacagcac tgaggctgag ttggaggagc ccagggttat 780  
 tgacctgtgg gacctggcgc agtccgc当地 cctcacgcgac aaggagctgg aggcgttccg 840  
 ggaggagctc aagcacttcg aagccaaaat cgagaagcac aaccactacc agaaggcagct 900  
 ggagattgcg cacgagaagc tgaggcacgc agagagctg ggcgcaggcg a诶gtgttag 960  
 cccgcaggc gagaagcacg ccctgctgga gggcgaggacc aaggagctgg gctacacgg 1020  
 gaagaagcat ctgcaggacc zgtccggcag gatctccaga gctccggcaca acgaactctg 1080  
 aagcattgg ggagcccagc ccggcaggga agaggccagc gtgaaggacc tgggcttgg 1140  
 gccgtggcat ttccgtggac agccccggc cagggtggct gggctggca cgggtgtcga 1200  
 ggcaaggagg attgtttctg gtgactgcag ccgcgtccgt cgccgacacag ggcttgg 1260  
 tggtagcatt tgggtctgag atcggcccaag ctctgactga aggggcttgg cttccactca 1320  
 gcatcagcgt ggcagtcacc accccagtga ggacctcgat gtccagctgc tgtcaggct 1380  
 gatagtccctc tgctaaaaca acacgattta cataaaaaat cttacacatc tgccaccgg 1440  
 aataccatgc acagagtcct taaaaaatag agtgcagtat ttaaaccaaa aaaaaaaaaa 1499  
 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 688 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5 :

35 gggccaagtg ccccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60  
cactctgtgg ggctccctcg cggttgcacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120  
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttccac caataactctg tgaagctggg 180  
gcacccagac accctgaacc aggggaaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240  
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300  
40 cacaatgca gacaaggcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgtatgg cgaggctaac 360  
ctgggcctcc cacgagaaga tgcacgaggg tgacgaggc cctggccacc accataagcc 420  
aggcctcgaa gagggcaccc ccttaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480  
cgcccacagt catggtgcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540  
45 tctacccaac cagggccccg gggctgtta tgtcaaactg tcttggctgt ggggcttaggg 600  
gctggggcca aataaagtct ctccctccaa gtcagtgtc ttttgtgttcc ttccagctcc 660  
tgtcaacac tgcctttcca ggggtgtg 688

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 909 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

65 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

DE 198 13 839 A 1

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6 :

15

```

tcgagccgca ttcgaccaga agtcggcgca cgccgcctcg gtccgggtga ctttgccgac 60
catggagggc ggcttcggct ccgatttcgg gggctccggc agcggaaagc tggaccagg 120
gctcataatg gagcaggtga aagtgcagat cgccgtggcc aacgcgcagg agctgctgca 180
gaggatgacg gacaagtgtt tccggaagtg tataggggaaa cctgggggct ccctggacaa 240
20 ctccgagcag aagtgcatcg ccatgtgcac ggaccgcata atggacgcct ggaacaccgt 300
gtctcgcc tacaactcgc ggctgcagcg ggaacgagcc aacatgtgac cggcgagcgc 360
gggccacccc accctgttca tttccataaaa cgtgcttga gaggggggtt ccgcatgtac 420
gtactgcctg cccggggctt aggagggtgg caccgggtgct gggacacacg ggaactgtgtc 480
25 ctcgccaccc cccgcctgc cccctgcccag ccagtgcagc ttggatctcg ggggtgtggg
540 gcccgtgtgcc ttccctgaagt gctggcagcc cagtggcacc tccttcaggc ctttgggtta 600
ttccccctagt gtgcccagaat cagccctata ttctggcgg acagcttgc tggacttcgg 660
30 agttgggggtt ggtcagacac cacaggagct gtcacccct gcggatgggc aaataaattg 720
gtggaggacg gaaagaaaacc tctttatttc cctcctgagg ggtctctctc tggaaagagg 780
tgacgcgtgt cccttggaaacc ccagctcgga gggctcagc ctccccctggg ttgggagaag 840
tccatcttc cccttagtgc caccgggctg ctgagtcacg aggaatgtgt tgctgctgcc 900
35 acccctgccc 909

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

5        tgaggccaag gcggcgtgag tctgcgcagt gtggggc<sup>ga</sup> gggaggccgg acggcgccgc 60  
 tgctgtctgg cgtgcgttca ct<sup>tt</sup>cagcc<sup>t</sup> ggtgtgggc ttgtaaacat ataaacataaa 120  
 aatgcgttcc aaaagagctc tggcatcc<sup>t</sup> ggctaaagga gcagaggaaa tggagacgg<sup>t</sup> 180  
 catccctgt<sup>a</sup> gatgtcatga ggcgagctgg gattaagg<sup>t</sup> accgt<sup>t</sup>gcag gcctggctgg 240  
 10      aaaagaccca gtacagtgt<sup>a</sup> gccgtatgt ggtcattt<sup>t</sup> cctgatgcca gccttgaaaga 300  
 tgcaaaaaaa gagggaccat atgatgtgt<sup>t</sup> ggttctacca ggaggt<sup>a</sup>atc tggcgcaca 360  
 gaatttatct gagtctgt<sup>t</sup> ctgtgaagga gatactgaag gagcaggaaa accggaaggg 420  
 cctgatagcc gccatctgt<sup>t</sup> caggtcctac tgctctgt<sup>t</sup> gctcatgaaa taggtttgg 480  
 aagtaaagtt acaacacaccc ctcttgctaa agacaaaatg atgaatggag gtcattacac 540  
 15      ctactctgag aatcgtgtgg aaaaagacgg cctgatttt acaagccggg ggcctgggac 600  
 cagcttcgag tttgcgtt<sup>t</sup> caatttgta agccctgaat ggcaaggagg tggcggctca 660  
 agtgaaggct ccacttgg<sup>t</sup> ttaaagacta gagcagcga<sup>t</sup> ctgcgacgat cacttagaga 720  
 aacaggccgt taggaatcca ttctcactgt gttcgctct<sup>a</sup> aacaaaacag tggtaggtt<sup>a</sup> 780  
 20      atgtgttcag aagtcgtgt<sup>t</sup> ccttactact tttgcggaa<sup>t</sup> tatggaa<sup>t</sup>atc acaactacac 840  
 agagatttct cagcctacaa atttgtcta tacatttcta agccttgttt gcagaataaa 900  
 cagggcattt agcaaactaa aaaaaaaaaa 930

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

- 30      (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 989 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35      (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 40      (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45      (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 50      (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

cgcgcccccg tcgtgcacgc ggtttagct gcccggccgc ggcagaagcg gcgctcgcc 60  
 caagggacgt gtttctgcgc tcgcgtggc atggaggcgc tgccgctgt<sup>t</sup> agccgcgaca 120  
 60      actccggacc acggccgcca ccgaaggctg cttctgtgc cgctactgt<sup>t</sup> gttcctgctg 180  
 ccggctggag ctgtgcaggg ctgggagaca gaggagaggc cccggactcg cgaagaggag 240  
 tgccacttct acgcgggtgg acaagtgtac ccgggagagg catcccggt atcggtcgcc 300  
 gaccactccc tgcacctaag caaaagcgaag atttccaagc cagcgcct<sup>t</sup> ctgggaagga 360

65

acagctgtga tcgatggaga atttaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tggaaatac 420  
ttggtttct tcttctaccc acttgatttc acatttgtgt gtccaactga aattatcgct 480  
tttggcgaca gacttgaaga attcagatct ataaaatactg aagtggtagc atgctctgtt 540  
gattcacagt ttacccattt ggcctggatt aataccccctc gaagacaagg aggacttggg 600 5  
ccaataagga ttccacttct ttcatggattt acccatcaga tctcaaagga ctatggtgta 660  
taccttagagg actcaggcca cactcttaga ggtctttca ttattgtga caaaggaatc 720  
ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttctt gtgggtagat cagtggatga gacactacgt 780  
ttggttcaag catccagta cactgacaaa cacggagaag tctgccctgc tggctggaaa 840 10  
cctggtagtg aaacaataat cccagatcca gctggaaagc tgaagtattt cgataaaactg 900  
aattgagaaa tacttcttca agttatgatg ctgaaagtt ctcataaaag ttcacgggtt 960  
cattaccaaaa aaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 989

5

10

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

- #### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

- (A) LÄNGE: 2017 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

40

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

aaggcaaccc	gttatgtct	tatcttgca	tttcctgta	ttcagctatt	ttcttaaagg	60
aaggcccagg	tctgtattat	cctactgcca	cataggaagt	aaaatgagta	ctcacagcct	120
tgcgccata	cactgaacac	agcitttagt	aatgtttac	acaagaacag	gatattggca	180
actcaactgt	taagccttgc	tgtgattatt	cttccttgag	atcaacttgc	tgtcaccagg	240
gtatatttgag	cctggagctt	ttgttacac	tttaaatagc	agtcccagaa	tgatttcact	300
acagactctc	tggaaagcct	gggagctgaa	ttccggaaga	tccccacatc	gatgaaagca	360
aagcgaagca	ccaagccatc	atcatgtcca	cgtcgctacg	agtcaagccca	tccatccatg	420
gctaccacct	cgacacagcc	tctcgtaaga	aagccgtggg	caacatcttt	aaaaacacag	480
accaagaatc	actagaaaagg	ctcttcagaa	actctggaga	caagaaagca	gaggagagag	540
ccaagatcat	tttgccata	gatcaagatg	tggaggagaa	aacgcgtgcc	ctgatggcct	600
tgaagaagag	gacaaaagac	aagctttcc	agtttctgaa	actgcggaaa	tattccatca	660
aagttcaactg	aagagaagag	gatggataag	gacgttatcc	aagaatggac	attcaaagac	720
caagtggatt	tgtgagattc	taacagatgc	agcattttgc	tgctaccta	caagttctc	780
ttctgtcagg	actccagagg	ctggaaaggg	accgggactg	gaaagggacc	aggactgaac	840
agactggta	caaagactcc	aaacaatttc	atgccctgtg	ctgttacaga	ggagaacaaa	900
atgcttcag	caaggatttgc	aaaactcttc	cctccstqca	qgaaaggatt	qatqctgata	960

gaagagcctg gacagatgt a~~g~~aga~~a~~cta a~~g~~aaaacag atggctggag atgacattt 1020  
 tccagggtca ctttgtcagg ccctaggact ta~~a~~atcgaa~~g~~ ttgaacttt tttttttt 1080  
 5 aaccaaata~~g~~ ataggggagg ggaggagg~~g~~ ga~~g~~gaggac agggagagaa aataccatgc 1140  
 ataaattgtt tactgaattt ttat~~a~~tct~~g~~ gtgttcaaaa tatttccaag cctgagtt 1200  
 gtctattggt atagatttt agaaatcaat aattgattat ttatttgac~~c~~ ttattacaat 1260  
 gcctgaaaaa gtgcaccaca tggatgttaa gt~~g~~aaaattc aagaaagtta gatgtttcal 1320  
 10 gcaactcagt aaaaccttac gccaccttt gg~~t~~ttgtaaa aggtttta tacatttcaal 1380  
 acaggttgca caaaagttaa aataatgggg tctttataa atccaaagta ctgtgaaaac 1440  
 atttacata tttttaaat cttctgacta atgctaaaac gtaatcta~~t~~ taaatttcat 1500  
 acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgatata caaaatagtt tataaagact 1560  
 ctatagttc tataatttat ttactggca aatgtcatgc aacaataata aattattgtal 1620  
 15 aactttgtgg ctttggctc gtgatgctt~~g~~ gtctca~~a~~agg aaaaataa~~g~~ atggtaatg 1680  
 ttgatattta caaactttc taaagatgt~~g~~ tctctaa~~c~~aa taaaagttaa ttttagagt 1740  
 gtttatatt aattaccaa~~a~~ cttttcaaa ac~~a~~attctt acgtcaaata tctggaaagt 1800  
 ttctctgtcc caatctaaa atataaaata tagatataga agtcataga ttgactcc~~t~~ 1860  
 20 ggcatttcta ttatgtatc cat~~a~~aggat gagtttaaa aggcttctc ttcataactt 1920  
 tgaaaaattt cttctat~~g~~ tacagttagct atgtacatgt gtacatctat ttttccaag 1980  
 caatatgtt tggtttaga gtctgagtga tgaccaa

2017

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 2233 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

cggtcgagc ggcgcgaagt tccatgaggg gcctccggc actgatctt~~g~~ ctggac~~c~~ta 60  
 gtataacca cttcggaa~~g~~ gtgcctgat~~g~~ ggctccctc agctt~~g~~ag cagctgtaca 120  
 tggagcacaa caatgtctac accgtccccg atagctactt cggggggc~~g~~ cccaa~~g~~ctgc 180  
 t~~g~~tatgtgc~~g~~ gctgtcccac aacagtctaa ccaacaatgg cctggcctcc aacac~~c~~ta 240  
 attccagcag cttccttgag ctagac~~c~~t~~c~~ cctacaacca g~~t~~gcagaag atccccccag 300  
 tcaacaccaa cctggagaac ctctac~~c~~cc aaggcaatag gatcaat~~g~~ag ttctccatca 360  
 65 gcagcttctg caccgtgg~~g~~ gacgtcgta acttctccaa gctgcagg~~g~~t ctgcgcctgg 420  
 acggaa~~c~~ga gatcaagcgc agggcatgcc tgccgac~~g~~cg cccctctg~~c~~ tgcgccttgc 480

cagcctcatc gagatctgag cagccctggc accgggtact gggcggagag ccccggtggc 540  
 atttggcttg atggtttgg ttaggccttgc ctggaaaggc caggatggac catgtgacag 600  
 aagtccacgg gcaccctctg tagtcttctt tcctgtgggt ggggttaggg ggggcgatca 660  
 5  
 gggacaggca gccttctgct gaggacatag gcagaagtc actctttcc agggacagaa 720  
 gtgggttag atgaaaggat ccctggatgt tccaaaccca taaatctcac ggctctaag 780  
 ttcttcccaa ttagtctgagg tcatggaact tcaaaaagtttgg catgggcaat agtatataac 840  
 catactttc taacaatccc tggctgtctg tgagcagcac ttgacagctc tccctctgtg 900  
 ctggcgttgt cgtgcagttt ctctggctc ccatttttttgg cttctcaaaa tataacctt 960  
 10  
 gcccagctgc ctcttctgaa atccacttca cccactccac tttccctccac agatgctct 1020  
 tctgtgcctt aaggcagatgc aggagacccc aaggcatgtg agcatctgcc cagcaacctg 1080  
 tggagacaac ccacactgtg tctgggggtg aaaggacacc aggagtact tctataacctc 1140  
 cctaacctca cccctggaaa gccaccagat tggaggtcac cagcatgtg ataatttca 1200  
 15  
 tgacctgatg tgggaggaga cagccaaacctt caggcttaga tcaatgtata gggctatatt 1260  
 ttggcagctg ggtagcttt tgaagggtga taagacttca gaagaggaaa ggccagactt 1320  
 tgcttaccat cagcatctgc aatgggcca acacacccatca aattggctga gttgagaaag 1380  
 cagccccagt agttccattt ttgcccagca ctttctgcat tccaaacagc atccctacctg 1440  
 20  
 gttttttatc cacaaggta gcggccacat gtttttaaaa gtatgagaaa cacagttgt 1500  
 cctccctt tatccaagca ggaagattct atatcctgat ggtagagaca gactccaggc 1560  
 agccctggac ttgcttagccc aaagaaggag gatgtgggta atctgtttca cctgggttgc 1620  
 cctaaggcca tagttaaaaa gtaccagtc tggctgggtt ccgtgaagcc caggccaggc 1680  
 agccaaatct tgcctgtgt gggcatacaa ccctctgctt tcacatctct gagctatatc 25  
 25  
 ctcattagtg aagggtggctt ttgctttata gtttggctgg ggagcactt attcttccca 1800  
 tttcaaaagg taatgttgcc tggggcttaa cccacctgccc ctttggccaa ggttggacal 1860  
 aagccatctg ggcagtcaagg ggcaaggact gttggaggag agttagccca agtataaggct 1920  
 ctgcccagat gccatcacat ccctgataact gtgtatgtt tgaagcacct tccctgaga 1980  
 30  
 gggaaagaggg gatctttggatctacgttctt ggctccagac ctgaaatcca caaaaggccaa 2040  
 accagctcat ttcaacaaag gagtcccgat gtgagggggca aggctgcccc ctgcccagg 2100  
 gctcttcaga aagcatctgc atgtgaacac catcatgct ttataaagga tccttattac 2160  
 aggaaaaagca tgagtgggtgg ctaacctgac caataaagtt attttatgtat tgcaaataaa 2220  
 35  
 aaaaaaaaaaaa aaa 2233

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1365 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

5 ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc gttggcagat ctgaagacag 60  
 catgtacaca gccattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120  
 cctgcatgtg tggcggttgg agaaagctgaa gccgggtcct gtggcgcaag agaaccagg 180  
 cgtcttcctc tcggggact cctacctagt gctgcacaat ggcccagaag aggtttcca 240  
 10 tctgcacctg tggataggcc agcagtcatc ccgggatgag cagggggcct gggccgtgct 300  
 ggctgtgcac ctcaacacgc tgctggaga gcggcctgtg cagcaccgcg aggtgaggc 360  
 aatgagtctg acctcttcat gagctacttc ccacggggcc tcaagtacca ggaagggtgg 420  
 gtggagtcag catttcacaa gacccacca ggagccccag ctgccatcaa gaaactctac 480  
 15 caggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagctc 540  
 aacactgggg actgcttcat cttggacctg ggccagaaca tcttcgcctg ggtgggtgg 600  
 aagtccaaca tcctggAACG caacaaggcg agggacactgg ccctggccat ccgggacagt 660  
 gagcgacagg gcaaggccca ggtggagatt gtcactgtg gggaggagcc tgctgagatg 720  
 20 atccaggtcc tggggcccaa gcctgctctg aaggaggcga accctgagga agacctcaca 780  
 gctgacaagg caaatgccta ggccgcagct ctgtataagg tctctgatgc cactggacag 840  
 atgaacactga ccaagggtggc tgactccagc ccatttgcctt ttgaactgct gatatctgat 900  
 gactgcttg tgctggacaa cgggctctgt ggcaagatct atatctggaa gggcgaaaa 960  
 25 gcgaatgaga aggagcggca ggcagccctg caggtggccg agggcttcat ctgcgcgtg 1020  
 cagtagcccc cgaacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccatcttc 1080  
 aagcaatttt tcaaggactg gaaatgaggg tgggcgtctt cctgccccat gctccctgc 1140  
 ccccccaccac ctgcctgctt gcttctctgg ctgcctggc agtgcagagg tgcccccctgc 1200  
 agatgttcaa taaaggagac aagtgcatttc ccagctctt tcctgcaaaa cctgcctgg 1260  
 30 gctgattctc actgtcaccc acatttac ctgggttcat ccccatgctg ggggtggagt 1320  
 agcacacaga tgacaattgg acagccttgg aggggccaga gctgc 1365

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 1597 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 55 (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- 60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

DE 198 13 839 A 1

accaatggcc aggccatcgc taaaaagatgc cggcgtcgcc actctggcct ggatggtgat 60  
 aatgggtgat ggcctgcaca atttcagcga tggcctagca attgggtctg ctttactga 120  
 aggcttatca agtggttaa gtacttctgt tgctgtgtc tgtcatgat tgccatcatga 180  
 attaggtgac ttgcgttgc tactaaaggc tggcatgacc gttaaaggcagg ctgtccctta 240  
 taatgcatttgc tcaagccatgc tggcgatctg tggaaatggca acaggaattt tcattggtca 300  
 ttatgctgaa aatgtttcta tgtggatatt tgcaacttact gctggcttat tcattgtatgt 360  
 tgctctgggtt gatatggtac ctgaaatgct gcacaatgat gctagtgacc atggatgttag 420  
 ccgctggggg tatttcttt tacagaatgc tgggatgctt ttgggttttgaattatgtt 480  
 acttatttcc atatttgaac ataaaatcgat gttcgtata aatttcttagt taaggtttaa 540  
 atgcttagat agctaaaaaa gttgtcatag tttcagtagg tcatagggag atagatgtt 600  
 atgctgtact atgcagcgtt taaagtttagt ggggtttgtg attttgtat tgaatattgc 660  
 tgtctgttac aaagtcaagt aaaggtaacgt ttaataattt aagttattct atcttggaga 720  
 taaaatctgt atgtgcaatt caccggattt accagtttat tatgtaaaca agagatttgg 780  
 catgacatgt tctgtatgtt tcagggaaaa atgtctttaa tgcttttca agaactaaca 840  
 cagttattcc tataactggat tttaggtctc tgaagaactg ctgggttttgaataagaa 900  
 tgtgcattgaa gcctaaaata ccaagaaaagc ttatactgaa tttaagcaaa gaaataaaagg 960  
 agaaaagaga agaatctgag aattggggag gcatagattc ttataaaaat cacaaaattt 1020  
 gttgtaaattt agagggggaga aatttagaat taagtataaa aaggcagaat tagtataagag 1080  
 tacattcatt aaacattttt gtcaggatta ttcccgtaa aaacgtatgt aggcacttt 1140  
 catatactaa tttagttgtt catttaactt tgtataatac agaaatctaa atatatttaa 1200  
 tgaattcaag caatatatac cttgaccaag zaatttggaaat ttcaaaatgt tcgtgcgggt 1260  
 atataccaga tgagtacagt gagtagttt atgtatcacc agactgggtt attgccaagt 1320  
 tatataatcac caaaagctgt atgactggat gttctggta cctggtttac aaaattatcal 1380  
 gagtagtaaa actttgat atatgaggat attaaaacta cactaagtat catttgattc 1440  
 gattcagaaa gtactttgtt atctctcgt gcttcagtgc tatcatgtg agcaattgtc 1500  
 ttttatatac ggtactgttag ccatactagg cctgtctgtg gcattctcta gatgtttctt 1560  
 ttttacaccaa taaaattcctt atatcagctt gaaaaaaaaaa 1597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1780 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- #### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

# DE 198 13 839 A 1

cgggcgcggc cgacggtag ttccccggag aaggatcctg cagcccgagt cccgaggata 60  
 aagcttgggg ttcatccccc ttccctggag cccgagtcggc gtccctcaggc ttccccaatc 120  
 5 caggggactc ggcgcggga cgctgtatg gacgacatt tcactcagtg ccgggaggac 180  
 aacgcagtgc ccgttcgcct gtggctggac aacacggaga acgacctaaccaggggac 240  
 gatcatggct tctcccccgt gcactggggc tgccgagagg gccgctctgc tgggttgag 300  
 atgttgcata tgcggggggc acggatcaat gtaatgaacc gtggggatga caccggggc 360  
 catctggcag ccagtcatgg acaccgtat attgtacaga agctattgca gtacaaggca 420  
 10 gacatcaatg cagtgaatga acacggaaat gtgccttcactatgcctg ttttggggc 480  
 caagatcaag tggcagagga cctgggtggca aatggggccc ttgtcagcat ctgtacaagg 540  
 tatggagaga tgcctgtggca aagccaaag gcacccctga gagagtttcttccggagacgg 600  
 15 gcagagaaga tggggccagaa tctcaaccgt attccatata aggacacatt ctggaaagg 660  
 accacccgca ctcggccccc aaatggaaacc ctgaacaaac actctggcat tgacttcaa 720  
 cagcttaact tccctgacaa gctcaacggaaatctactctg gagagctatg gaaggcccgc 780  
 tggcagggca atgacattgt cgtgaaggtg ctgaagggtc gagactggag tacaaggaa 840  
 20 agcaggact tcaatgaaga gtgtcccccgt ctcaggatt tctcgcatcc aaatgtgctc 900  
 ccagtcttag gtgcctgcca gtctccacct gtcctcatac tcaactctcat cacacactgg 960  
 atgccgtatg gatccctcta caatgtacta catgaaggca ccaatttcgt cgtggaccag 1020  
 agccaggctg tgaagtttgc tttggacatg gcaagggca tggccttcctt acacacacta 1080  
 25 gagccctca tcccacgaca tgcaactaat agccgtatgtg taatgattga tgaggacatg 1140  
 actgcccgaat ttagcatggc tgatgtcaag ttctcttcc aatgtcctgg tcgcatgtat 1200  
 gcacctgcctt gggtagcccc cgaagctctg cagaagaagc ctgaagacac aaacagacgc 1260  
 tcagcagaca tggaggtt tgcagtgcctt ctgtggaaac tggtgacacg ggaggtaccc 1320  
 tttgctgacc tctccaaat ggagatttggaa atgaagggtgg cattggaaagg cttgggct 1380  
 30 ccatcccacc aggtatttcc cctcatgtgt gtaagctcat gaagatctgc atgaatgaag 1440  
 accctgcaaa ggcacccaaa ttgacatgatg ttgtgcctat ccttgagaag atgcaggaca 1500  
 agtaggactg gaaggtcctt gcctgaactc cagagggtgtc gggacatggg tggggaaatg 1560  
 35 cacccccc aagcagcagg cctctgggtg cttcccccgc ctccagtcat ggtactaccc 1620  
 cagccatggg gtccatcccc ttccccccatc cttaccactg tggccccaag aggggcggg 1680  
 tcagagctt tgcacttgcc acatgggtgtc tcccaacatg ggaggatca gccccgcctg 1740  
 tcacaataaa gtttattatg aaaacaaaaaa aaagggtgtgg 1780

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 45 (A) LÄNGE: 892 Basenpaare ..  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 60 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgtttc tcgatctgct gtcgtctca	60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccggaa ccagcgaagt ccgcgtccgc gccaagaag	120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgcag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc	180
gcaaggagag ctactccgt a tacgtgtaca aggtgctgaa gcaggtccac cccgacaccg	240
gcacatcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttgcgaacgca	300
tcgcgggtga ggctccgc ctggcgcatt acaacaagcg ctcgaccatc acctccagg	360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg	420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt	480
tctctggaat ttctgtat gaccaagaaa gcttcttatac aaaagaagca caattgcct	540
cgttacactc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctagatggac	600
ttttccacaa gctaaagctg gccttctgtat ctcattcaga ttccaaagag aatcattac	660
aagtaattt ctgtctccctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttccctca	720
aagaattgtc tacattaccc atctcctt ttgcctctga gaaagagtat ataagctct	780
gtAACCCACT ggggggttgg ggtataattc tgtggtcctc agccctgtac cttataataat	840
tttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaaag gagggaaagaa ggaagaggat gc	892

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 992 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggt gtatgttaacg tcgtgttaacg gcggcggtgt	60
cggcagctgc ttagcgaag agagttggc gcgatgtctc acaccatTTT gctggtagacag	120
cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg	180
gaaggtgttt gtaaaatgtt tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatccaa cagtcctct	240
atcacatatg acatcagtc gttgtttgtt ttcatcgatg atctggcaga cctcagctgc	300
ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagcctata acaaagactg gattaaagag	360
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg gaaataatt gtgttggaaag	420
cactgggggg gttgggggtgg gcttggaaaca caggtgtgt a cagcgtgtc tagtggaaat	480
tttgtatcat agtaatcctg ttccacttt gttataactct agccaagatt gactgtat	540

5 gatgaaatgt gaggatcttgc ttaaatcgaa aaccccccgtt acctcctctt tttctttctc 600  
 tttctttttt ttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaa tggttcttcg 660  
 tcacttaatgt ttgggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac 720  
 taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata 780  
 aagtcttggt aaaaataaaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaattgaag 840  
 gactggaaacc aacattaagt gacgaagaac aactgtgtg tggggaaag gctttggacc 900  
 tagaccaacc tggattgaaa tctaatttc tcacttaagg gaagttcaat tactcctcag 960  
 10 ttcccacatc tatcagtggg gataatgcct ag 992

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

45 gggccccgg aaggtcagcq tgtgaagtag ggcgtggcaa cgcgggtta cccgctgtta 60  
 ttgaggagta acggcccagc ggaccaccca ggcttgaggc agcggcgaa accactcggt 120  
 ttgctgcgtt accatggaaag gaggcgggg aagcggcaac aaaaccacag ggggatggc 180  
 50 cggcttttc ggagccggcg gagcaggtt ctcgcacgcg gattggctg gcgtcccgct 240  
 aactggatg aaccctctgt ctccattttaa atgtggat ccacgatacc tcgtgcagga 300  
 tacagatgag ttattttac ctaccggagc taataaaacc cggggcagat ttgagctggc 360  
 ctctttacg attggaggat gttgcgtgac aggggctgctt tttgggtcaa tgaatggct 420  
 55 tcggcttagga ttgaaggaaa cccagaacat ggcctggcc aaaccaagaa atgtacagat 480  
 tttgaatatg gtgacttaggc aaggggact ttgggctaact ctctggctt 540  
 gctctatagt gcatttgggtc tcatcattga gaaaacacga ggtgcagaag atgacctaa 600  
 cacagtagca gctggaaacca tgacaggcat gttgtataaa tgtacaggtg gtctcgagg 660  
 60 gatagcacga ggtggctgtc caggactaac acttaccacgc ctctatgcac tatataataa 720  
 ctgggagcac atgaaaggct ccttgctcca acagtcaact tgaagatttt gccaactcat 780  
 gaatggagga cacttcagta gtcatctaga tcctttata agacagttt ggttattct 840  
 ctctcttcta cctacaattt gttgaaaaa ttggagattt tgatttgcgt tgatgaaaat 900  
 cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960  
 65 ctttggtgac tcacttagta ccatggttct gttctctctt gtagatcttgcacgtatctg1020  
 tttcctccc ccatgaacta gaaaaccact tacccccaga attcaggtcg tgctttag1080

DE 198 13 839 A 1

tactataatca ccaaggccat tcatttaatgc atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc1140  
aaataaaaggg taaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaaa aaaaaaa 1196

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1105 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

```

ggcttaggcc cagccccctg cctcccccctcc ctcccccccaag gtataagagc tgagctcagg 60
tgtagctggct cctcctgtct tgtctcagcg gctgccaaca gatcatgagc catcagctcc 120
tctggggcca gctataggac aacagaactc tcaccaaagg accagacaca gtgagcacca 180
tgggacagtg tcggtcagcc aacgcagagg atgctcagga attcagtgtat gtggagaggg 240
ccattgagac cctcatcaag aactttcacc agtactccgt ggagggtgaaa aaggagacgc 300
45
ttagcccccttc ttagctacgg gacctggta cccagcagct gccccatctc atgcccggaga 360
actgtggcct ggaagagaaaa attgccaacc tgggcagctg caatgactct aaactggagt 420
tcaggagttt ctgggagctg attggagaag cgcccaagaa tgtgaagctg gagaggcctg 480
tccgggggca ctgagaactc cctctggaaat tcttgggggg tggtggggag agactgtggg 540
cctggagata aaacttgtct cctctaccac caccctgtac cctaggctgc acctgtcctc 600
50
atctctgcaa agttcagctt cctcccccag gtctctgtgc actctgtctt ggatgctctg 660
gggagctcat gggtgagga gtctccacca gagggaggct cagggactg gttggccag 720
ggatgaatat ttgagggata aaaattgtgt aagagccaaa gaatttgtag tagggggaga 780
acagagagga gctgggctat gggaaatgtat ttaataatgt gagctggaa tatggctgga 840
55
tatctggtac taaaaaagggtctttaaagaa cctacttcctt aatctttcc ccaatccaaa 900
ccatagctgt ctgtccagtg ctctcttcct gcctccagct ctgccccagg ctccctcttag 960
actctgtccc tggcttaggg caggggagga gggagagcgag ggttggggaa gaggctgagg 1020
agagtgtgac atgtggggag aggaccagct gggtgcttg gcattgacag aatgatggtt 1080
qttttgtatc attqattaa taaaa 1105
60

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

65

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2006 Basenpaare  
 5 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```
tgcgagccga ggcgccgagc aagatggcg cgcgagtgct gcgcgcccgc ggaggcgctg 60
ggccggcggc ctcctgcagc gggcgcccc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120
35 gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctccttagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaaatttg 300
tcaagaggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtactt tgggtgggac 360
40 ttggAACACG ttgttatggcg agcaggacca agctgtccac ctctggaggt atgaaggagg 420
ctatccagcc ctcacagaag tcataataa actcagagaa aataaggaat ttttggaaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctc caggaagaat cagctcctgt tggagttcag 540
tttcttggaaat gaggctgtgc caagatccgg acctaataata tatgaactca ggtcttacca 600
45 actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctctgtcaa. tccgcttcag 660
acaggatggt aacgaagccg tcggaggatt cttctctcag attgggcagc tgtacatgg 720
gcaccatctt tggcattaca gggatcttca gaccaggaa gacatacggg atgcagcatg 780
gcacaaaacat ggctgggagg aattggata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgg 840
50 atccagaatc atgatccac tgaagacctc gcccctccag taaagctgta gagtttctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgcgttaaat taattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatac ctttgtgagaa acctctttc 1020
tttaaaattt acataatcac aagaaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagt 1080
ccttgcgtc ctctttgaaa cacccctgt tgcgttat accttataac acttagccac 1140
55 ttctccccac cctccagaag gggccacgt tgaattctga atcatctga aaataagatt 1200
ccaaccacaa aaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aaccaaaaaa caaatctgtt 1260
ttataatcac agatttttag acaaatttct tgcgttatcagga agaaaatcaa attttgtcat 1320
60 gtttctcaag cagttttct gagtagttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaa 1380
taactgaaaa tgcgttatcact cactctcatt tgcgttatcag ccacatagta gacaatgggt 1440
tttccaagct gggcaaggtt cattaaatca gtaaatcagt ttacatcat gtattgtat 1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tggaaacttgcgt tgcgttatc 1560
atgaacacct tgaatagcac taattttat ttgtggatt ttcttataac aaaacaagta 1620
65 gctctaggaa aagagggttt atttgtaaa cgtatcatttgcgtt tgacctcaga cactctctgg 1680
ctaataatccc aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggcgt 1740
gtggagatcc aatattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttt atttcatttt 1800
70 ttaataatagt atgccaattt tgcgttatcact accatgtgaa agtccctgttgcgtt aatgaacaal 1860
```

# DE 198 13 839 A 1

ttgtctgcc cacaatcaag aatgtatgt taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt 1920  
 caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt 1980  
 aattccaca aaaaaaaaaaaa aaaaac

2006

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 10  
 (A) LÄNGE: 834 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear 15
  
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA 20
  
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
  
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN 25
  
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: 30
  
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library 35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

ccggAACCAAG aactggAACt cgcCcTTacc gcttgctGCC aaaACAGTGG gggCTGAact	60
gacCTCTccc ctttggaga gaaaaactgt ctgggagctt gacAAaggca tgcaggagag	120
aacaggagca gCcAcAgCCA ggagggagag ctttccccaa gcaAAacaAtc cagagcagct	180
gtgcaaacaa cggTgcataa atgaggcCtc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgcgt	240
cccgaggCCc acggTggTCa tggctGCCag aCGCtCtgc atgctgggc tggcctggc	300
cttgcTgtcc tccagctctg ctgaggagta cgtgggcTg tctgcaaacc agtgtGCCgt	360
gccaggccaAG gacagggtgg actgcggcta cccccatgtc acccccAagg agtgcAACAA	420
ccggggctgc tgcttGact ccaggatccc tggagtgcct tgggtttca agccccctgca	480
ggaAGcagaa tgCACCTCT gaggcacTc cagctGCCc CGGCCGGGGG atgcgaggct	540
cggagcacCC ttgcccggct gtgattgctg ccaggcactg ttcatctcag cttttctgtc	600
ccttgctcc cggcaAGcgc ttctgctgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg	660
aataaaAGTC ccatgctcca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgaggTTG	720
tgctttatTT ctgctgcgtc gtgacagcg ggagggtgtc aggggagagt ctgcccaggc	780
ctcaaggGCa ggAAAAGACT ccctaaggag ctgcagtgca tgcaaggata tttt	834

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 765 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel 65

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20 :

cgggaacggg gcggacgcgg ctgcgccggc gcgtcgaggg gagaggcagc agccgcgtg 60  
gacgtgttcc tcatgatccg gcccacaag accaccatct tcacggacgc caaggagtcc 120  
agcacggtgt tcgaactqaa gcgcacgtc gagggcatcc tcaagcggcc tcctgacgag 180  
30 cagcggctgt acaaggatga ccaactttt gatgatggca agacactggg cgagtgtggc 240  
ttcaccagtc aaacagcacg gccacaggcc ccagccacag tggggctggc cttccggca 300  
gatgacacct ttgaggccct gtgcacgtc ccgtttcca gcccggcaga gctgcccgt 360  
gtgatgaagc cccaggactc gggaaagcgt gccaatgaac aagccgtgca gtgagacccc 420  
35 caagaggccc atttccccca ataaaagaga tttgggatc tgacaaaatg ctgcctctt 480  
ttcccgcccc tccctgggat gggccact ccctgtggc tcctttggg gcttgtgctt 540  
ggcagttctt gtgctgtcct gtctccaga tcctgagacc ctggctgaga acttggccca 600  
40 gcctgctgct taaaggcacc atggggaccc gggttggccct cagacccaag ccatttttag 660  
cagctagcca gccacaccaa ccacggcagg gggagggaaag ggaaggaatg ggagagacac 720  
aaagaccaga gccaacctca gggacaagag attccagtgt ggcct 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 779 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

65 (vi) HERKUNFT:

65 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gcggggagtc caggttccgc cccggagccg acttcctcct ggtcggcgcc tgcagcccc 60  
 tgagcggcgg cagcggccgg ggatcctgga gccatgggc ggcgcgcga cgccatcctg 120  
 gatgcgctgg agaacacctac cgccgaggag ctcaagaagt tcaagctgaa gctgctgtcg 180 10  
 gtgcgcgtgc gcgagggtca cgggcgcata cggcggggcg cgctgctgtc catggacgcc 240  
 ttggaccta cggacaagct ggtcagcttc tacctggaga cctacggcgc cgagctcacc 300  
 gctaactgc tgcgcgacat gggcctgcag gagatggccg ggcagctgca ggcggccacg 360  
 caccagggtc ctggagccgc gccagctggg atccaggccc ctccctcagtc ggcagccaag 420 15  
 ccaggcctgc actttataga ccagcacccg gtcgcctta tcgcgagggt cacaaacgtt 480  
 gagttgctgc tggatgctct gtacggaaag gtcctgacgg atgagcagta ccaggcagtg 540  
 cggggcggagc ccaccaaccc aagcaagatg cggaaagctct tcagtttac accagcctgg 600  
 aactggacct gcaaggactt gtcctccag gccctaagg agtcccagtc ctacctggtg 660 20  
 gaggacctgg agcggagctg aggctccttc ccagcaacac tccggtcagc ccctggcaat 720  
 cccaccaaat catcctgaat ctgatcttt tatacacaat atacgaaaag ccagcttga 779

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

- (A) LÄNGE: 2327 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

cccacgcgtc cgagacatta ataagcttga agagcagaat ccagatattt tttcagaaaa 60  
 aaaaccagca actgaagtgg accccacaca ttttggaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120 60  
 tgacttggga gagggccact ttgggaaggt tgagctctgc aggtatgacc ccgaaggac 180  
 caatacaggg gagcaggtgg ctgttaaatc tctgaaggct gagagtggag gtaaccacat 240  
 agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aaggaacctc tatcatgaga acattgtgaa 300  
 gtacaaagga atctgcacag aagacggagg aaatggatt aagctcatca tggatattct 360 65  
 gccttcggga agccttaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaaca 420

5           gcagctaaaa tatgccgttc agatttgtaa ggggatggac tatttgggtt ctcggcaata 480  
 cgttcaccgg gacttggcag caagaaatgt ccttggtag agtgaacacc aagtaaaat 540  
 tggagacttc ggttaacca aagaattga aaccgataag gagtattaca cctgtcaagga 600  
 tgaccggac agccctgtgt ttggtagtgc tccagaatgt ttaatgcaat ctaaattta 660  
 tattgcctct gacgtctggt ctttggagt cactctgcat gagctgctga cttactgtga 720  
 ttcaaggattct agtccccatgg ctttggtagt gaaaatgata ggcccaaccc atggccagat 780  
 10          gacagtaca agacttgtga atacgttaaa agaaggaaaa cgcctgccc gcccaccta 840  
 ctgtccagat gaggtttac aacttatgag gaaatgtgg gaattccaac catccaatcg 900  
 gacaagctt cagaacctta ttgaaggatt tgaaggactt taaaataag aagcatgaat 960  
 aacatttaaa ttccacagat tatcaagtcc ttctccgtca acaaattgccc aagtcattt 1020  
 ttaaaaattt ctaatgaaag aagtttgtgt tctgtccaaa aagtcaactga actcataactt 1080  
 15          cagtagat acatgtataa ggcacactgt agtgcttaat atgtgttaagg acttcctctt 1140  
 taaatttggt accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaaatattt gaaagcactt 1200  
 aagcactcct ctttggaa agaatatacc accatttcattt ctggctagtt caccatcacal 1260  
 actgcattac caaaaggaaa ttttggaaa cgaggagttt accaaaataa tatctgaagal 1320  
 20          tgattgctt tccctgtgc cagctgatct gaaatgtttt gctggcacat taatcatagal 1380  
 taaagaaaaga ttgatggact tagccctcaa atttcagttt ctatacagta cttagaccatgl 1440  
 cattctaaa atattagata ccaggttaga tatattgttt ctgtacaaa atgactgtat 1500  
 tcttcacca gtaggactta aactttgtt ctccagtgcc ttagctcctg tcccttggg 1560  
 25          tgatcaactg caccatttt tgagaaagct gtttctacat gggggatag ctgtgaaatal 1620  
 gataatttgc tgcatgttaa ttaattctca agaactaagc ctgtgcccagt gctttccaa 1680  
 gcagtataacc ttaatcaga actcattccc agaacctgga tgctattaca catgctttta 1740  
 agaaacgtca atgtatatcc tttataact ctaccactt gggcaagct attccagcac 1800  
 tggtttggaa tgctgtatgc aaccagtctg aataaccacat acgctgact gttcttagag 1860  
 30          ggtttccata cttaccaccc atctacaagg gttgatccct gttttacca tcaatcatca 1920  
 ccctgtggtg caacacttga aagacccggc tagaggact atggacttca ggatccacta 1980  
 gacagtttc agtttgcctg gaggtagctg ggttaatcaa aatgttttagt cattgattca 2040  
 atgtgaacga ttacggctt tatgaccaag agtctgaaaaa tcttttggtt atgctgttta 2100  
 35          gtattcgttt gatattgtta ctttcaccc gttgagccca aattcaggat tggttcagtg 2160  
 gcagcaatga agttgccatt taaatttggt catagctac atacccaagg tctctgtgtc 2220  
 aaacctgtgg ccactctata tgcactttgt ttactcttta tacaataaaa tataactaaag 2280  
 actttaaaag agaagagaaaa aaagaaaaaga aaaaaaaaaaag gggaaag 2327

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

45

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 911 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

55          (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# DE 198 13 839 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23 :

```

ccgggattgg ctgcgggcct cgcgaccctc ctgcttcctt ccccgccccg cgccgcctct  60      5
ctgggttg cccccgtcgc aggtcgcagg cctctttgtc agctggagtt ggcgggctg 120
acgcgccact atgttagcggg tttcgggcgg gccacgcgtg cgggacagga acccaacccc 180
agccgacctt gagctccagg agttcgtctc ttacgtctgc ggaagtgcag ctgcctca 240
tcttagcgca gggtgacaac tacaggcaca agccattgaa gctggaatgt cctgttgctg 300
gtatttcaat tgacttaagc caactatccc ttcatgttaca ataggaaagt gcctctaata 360
aggccaaata tgcgtactaa cttgttagcaa ccacgtgtcc gtgcagtgc acaggagcta 420
gagcagtgac aatgctggg gcaacacgggc agtgttagcag gtgcattcatg tttcaccttt 480
caaccttttc atttaattgt cacaactcgg aggtggatc tgtagggac aggctgc(ccc 540
aggaccactc cccccccgct aactcaatgc agctgaccc tacccctgaat actctgcagc 600
15
tgcattctg aaccgttatac taggcgttat agcaaggta ccagacttgc tacaccgaag 660
ccctctgggt ggcacggggg aggtcatgaa acacgtggat tacacccct taaaattcc 720
tatttcaca agataatata ttgttaagccg gtcatgagat tatatgtggt aaagtttaatt 780
gactaacaac cccagggtct ctctccccca tataaacccc tcattttgtt agctcaggc 840
tgccacctcc gactgggttga gaagcctggc aggttaataa acttacttgg cctgaaaagg 900
911
gaaaagcaag a

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 595 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24 :

```

cccacgcgtc cggccaggat actgcgagta tggcgccgtc aaaggtgaag caggacatgc  60
ctccgcggg gggctatggg cccatcgact acaaacggaa cttgcgcgt cgaggactgt 120
cggctacag catgctggcc atagggattt gaaacctgtat ctacgggcac tggagcataa 180
tgaagtggaa ccgtgagcgc aggcgcctac aaatcgagga cttcgaggtt cgcatcgcc 240
tggccact gttacagcga gaaaccgacc ggaggaccc tgcagatgtt cgggagaacc 300
tggaggagga ggccatcatc atgaaggacg tgccgcactg gaaggtgggg gagtctgtt 360
tccacacaac cccgtgggtt ccccccgttga tcggggagct gtacgggcgt cgacaccacag 420
65

```

# DE 198 13 839 A 1

aggaggctct ccatgccagc cacggcttca tgggtacac gtaggcctcg tgccctccgg 480  
ccacctggat ccctgcccct ccccactggg acggaataaa tgcctgcag acctggaaaa 540  
aagaaaggag gacaagaaaa aacgggggtc agaaggaga gagtggccc ccgta 595

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25 :

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 886 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

ctcagtatta agcaacagaa aatgagactc atcgttagact cagcatagac ccatcacaga 60  
40 cctgtcagag gccgattgt a gctcgctgt agacccatga tagcagaccc gtagtcacta 120  
gcactggatc aaatgcaagc ttataaagca ttggacacct caagtctagt cggcgacgag 180  
gtcacaagct acctaactaa gaagtttgct gaactacgca gccccatgá gttcaagggt 240  
tacatgggcc acggggaa gcccgggtc tccgacttca gtcaccctca ttacctggct 300  
gggagaagag ccatgaagac agtttttgtt gttgagccag acttgaccag ggaaggcggc 360  
45 agtattcccc tgaccttgac ctttcaggag gccacggca agaacgtcat gctgctgcct 420  
gtggggtcag cggatgacgg agcccactcc cagaatgaaa agtcaacag gtataactac 480  
atagagggaa ccaagatgct ggccgcgtac ctgtatgagg tctcccgact gaaggactag 540  
50 gccaagccct ctgttgcca tctccatga gaaggaatcc tgccctcacc tcacccttt 600  
ccaacttgcc cagggaaatg gaggttccct ctttccccc cctcttgc ggtcatccat 660  
gacttttagag aacagacaca agtgtatcca gctgtccacg ggtggagcta cccgttggc 720  
ttatgagtga cctggagtga cagctgatgc accctggta agttctcaga gtggtcagga 780  
tggcttgacc tgcagaagat acccaagggtc caaaagcaca agtctgcgg aaagttctgg 840  
ttgtcggctg ggcaccacgg ctcacaccta taatcgagca tttggg 886

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

- 60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1008 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel

65

## (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA 5
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN 10
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN: 15
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 20
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:26 : 25
- ```
ccttagtact gcggccgtgt gggtagttg gctgccgtg agttgggtgc cggtgaggc 60
gtgttgtcc tcagaatccc cgctagcgc tgcctccctt accctcgcc atgtttctta 120
cccggtctga gtacgacagg ggctgtaaata cttttctcc cgaaggaaga ttatttcaag 180
tggaaatatgc cattgaggct atcaagcttg gttctacagc catgggatc cagacatcag 240 30
agggtgttg cctagctgtg gagaagagaa ttacttcccc actgtatggag cccagcagca 300
ttgagaaaaat ttagatgatt gatgttcaca taggttgtgc catgagtggg ctaattgctg 360
atgctaagac tttaaattgt aaagccagag tggagacaca gaaccactgg ttcacctaca 420
atgagacaaat gacagtggag agtgtgaccc aagctgtgtc caatctggct ttgcagttg 480
gagaagaaga tgcatgttcca ggtgccatgt ctgcgtccctt tggatgtca ttattatgg 540 35
gaggagtgtg tgagaaaagga ccccaagctgt ttcatatggc cccatctggg acctttgtac 600
agtgtgtatgc tcgagcaatt ggctctgttt cagagggtgc ccagagctcc ttgcaagaag 660
tttaccacaa gtctatgact ttgaaaagaag ccatcaagtc ttcaactcatc atcctcaaac 720
aagtaatggg ggagaagctg aatgcacaaa acattgagct agccacagtg cagcctggcc 780 40
agaatttcca catgttcaca aaggagaac ttgaagaggt tatcaaggac atttaaggaa 840
tcctgtatcct cagaacttct ctgggacaat ttcaagtctta ataatgtcct taaattttat 900
ttccagctcc tggcccttgg aaaatctcca ttgtatgtgc attttttaaat tgatgtctgt 960
acataaaggc agttctgaaa taaagaaaat tttaaaaatta aaaaaaaaaa 1008 45
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear 50
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA 60
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN 65
- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

<sup>5</sup> (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

<sup>10</sup> (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

ttaaaaaaaaaa aaccgcctgg tcttgccgtc cattaaaccc atggaacttc actatcccc 60
gttagccgtc ccagcggtt aagtggacct ccaagtgtat ggctttatgg tttatggccg 120
15 ggttcaggcc cttataaaag tgtaattatg tattaccagc agggtgtttt taactgtgac 180
tattgtataa aaacaaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcac ttccaccc 240
gcccattttt gtaaaaactgc agtcatctg gacctttaa aacacaaatt taaaactcaa 300
ccaagctgtg ataagtggaa tggttactgt ttatactgtg gtatgtttt gattacagca 360
20 gataatgctt tctttccag tcgtcttga gaataaaagga aaaaaaatct tcagatgcaa 420
tggtttgtg tagcatctg tctatcatgt tttgttaata ctggagaagc tttgaccaat 480
ttgacttaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaaattt ctataaaact cctgcttaag 540
gtgttctaattttctgtg cacactaaaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600
25 atttgggtgtg tttttttatg ttcttaataat actgagactt ctaggctta ggttaatttt 660
taggaagatcttgcac tcaggagtaa attttatgtt ggttcttaat ctgaagttt 720
caagctctga aattcataat ccgcagtgtc agattacgtt gaggaaagatc ttacaacatt 780
ccatgtcaaa tctgttacca tttatggca tttagtttc atttaagaat tgaacataat 840
30 tatttttattt gtagctataat agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900
acctaagact atttaaatgtt cttatgagaa aatttcataat agccatttc ttgtcattca 960
ggtccagaaaa caaattttaa actgagtgag agtctataga atccatactg cagatgggtc1020
atgaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat tgatgggtga ttacctgttca ttgtatggc1080
35 ttagtgccttgc gctaatttcc aaatttattgc ataataatgtt ctacctaag aaaacagggt1140
tatgtaacaa agtaatggtg ttgaatggat gatgtcaattt catggccctt tagcatagtt1200
ttaagcatcc tttttttttt aaagtgttga aagtgttta gcatctgtt actcaaagg1260
taagacagac aataataactt cactgaatat taataatctt tactagtttta cctccctgtc1320
40 tcttgcac ccgataactg gatatctttt ccttcaaaagg accctaaactt gattgaaattt1380
taagatatgt atcaaaaaaca ttatttcatt taatgcacat ctgttttgc gtttttggc1440
agtgtgcagt ttagggttca tgataaatca ttgaaccaca tggtaacaa ctgaatgcc1500
45 aatcttaaac tcatttagaaa aataacaaat taggttttga cacgcattct taattggaaat1560
aattggatcaa aaatagtgg tcatgaccc accaaacacc cttgtacta ataaaatcaa1620
ataacactta gaagggtatg tatttttagt tagggtttct tgatcttggg ggtatgttg1680
aagttaaaaaa ttgaatttgg taacccaaagg actgattttt ggtctttcc tatcttaacc1740
50 aacttttct tagttaccta gatggccaag tacagtgcct ggtatgttagt aagactcagt1800
aaaaaaagtgg atttttaaaa ataaactccca aagtgaatag tcaaaaatcc tggtagcaa1860
ctgttatata ttgcttaagt tggcttttta acagctgaa tttattaaga tgcattattt1920
tgattttattt cactgcctaa aacacittgg gttgttattga tggagttggg ggattttcc1980
55 ccaagtgttattt aaatgaaatt tgacgtatct tttcatccaa agtttgcac atcatgtttt2040
ctaacggaaa aaaatgttaa tatggctttt ttgttattact aaaaatagct ttgagatcaa2100
ggaaaaataa ataaactcttgc tacagttcag tattgtctat taaatctgttca ttggcagttat2160
gtataatggc atttgcgttg gttacaaaat acttcctctg ggttataata atcatttgat2220
ccaaattccctttaa ttgcttgtaa aataaagttt taccagtgttataaaaaaaa aaa 2273

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

<sup>60</sup> (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 3448 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure

<sup>65</sup>

- (C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

25

tgtgggccac tgtggtagtg gaggtggggt gtttgggagg ctgcgtgcc a gtcaagaaga 60  
aaaaggtttt cattctcaca ttgcaggat gataagtcc tttcctttc tttaaagaag 120  
ttgaagttt ggaatccctt ggtcccaact ggtgtttgaa agtagggacc tcagaggttt 180 30  
acctagagaa caggtggttt ttaagggtt tcttagatgt ttccacaccgg aaggttttt 240  
aacactaaaa tatataattt atagttttagg ctaaaaaagta tatttatttgc agaggatgtt 300  
cataaggcca gtatgattt taaatgcaat ctccccttgc tttcttctgc ctttgcattttt 360  
acagattttt tacagttttt tttaaagat agatcctttt ataggtgaga aaaaaacaat 420 35  
ctggaagaaaa aaaaccacac aaagacattt attcagcctt tttggcgttt cccagagtca 480  
tctgatttgg caggcatggg tgcaaggaaa attagggatc tcaacctaag ttccgttccg 540  
atgaattctt atcccccttgc ccttcctttt aaaaactttt tgacaaaata gacaatttgc 600  
acatcttggc tatgttattt ttgttatttt tattttagaa gtgttgaagg gaggtggcaa 660 40  
gagtgtggag gctgacgtgtt gaggaggac aggccggagg aggtgtgagg agcccccaaca 720  
acttcctgtc ctactaccgc ctcacacgc tccctctccag agtgcatttgc tttttttttttt 780  
actgcctccg ggccctgccag gagcagatcg aagccctgtct ggagtcaagc ctgcgcagg 840  
cccagcagaa catggacccc aaggccgcgg ggaggaggaa aaaggaggag gaggagggtgg 900 45  
acctggcttgc cacacccacc gacgtgcggg acgtggacat ctgaggccgc caggcaggcg 960  
ggcgccaccgc ccacccgcag cgaggccgga gcccggccca ggtgcctcccc tgacagtccc 1020  
tcctctccgg agcattttgc taccagaagg gaaagcttca ttctccttgt ttgggttgt 1080  
tttttccctt gctctttccc cttccatct ctgacttaag caaaaagaaaa agattaccc 1140  
aaaactgtct taaaagaga gagagagaaa aaaaaatag tatttgcata accctgagcg 1200 50  
gtgggggagg aggggtgtgc tacagatgtt agaggatttt ataccccaat aatcaactcg 1260  
tttttatattt aatgtacttg ttctctgtt gtaagaatag gcattaacac aaaggaggcg 1320  
tctcgggaga ggatttaggtt ccatccttta cgtgtttaaa aaaaagcata aaaacatttt 1380  
aaaaacatag aaaaatttagt caaaccattt taaaagttaga agagggtttt aggtgaaaa 1440 55  
acatattctt gtgtttttcc tgataaagca cagctgttagt ggggttctag gcatctctgt 1500  
actttgttg ctcatatgca tgcgttact ttataagtca ttgtatgtt ttatattccg 1560  
tagtagatgt gtaacctttt caccttattt atggctgaag tcacctcttgc gttacagtat 1620  
cgtaggggggg ccgtgtgcattt gtccttgcg cctgtgacca ccaccccaac aaaccatcc 1680  
gtgacaaacc atccagtgtt ggtttgtcg gacccaggca gctgttaggg tcggaaagg 1740 60  
ccacctgtcc cactccttacg atacgctact ataaagagaa gacgaaatag tgacataata 1800  
tattcttattt ttatactttt ccttatttttgc tagtgcatttgc tttatgttgc gtttttttc 1860  
tacccaaacgg ccctgcaggcc agctcacgtc caggttcaac ccacagctac ttgggttgc 1920  
ttctcttca tattctaaaa ccatccatt tccaaggact ttcagtccaa taggtgttagg 1980 65  
aaatagcgct gttttgttg tgcgtgcagg gagggcagtt ttctaatggaa atggtttggg 2040  
aatatccatg tacttgcatttgc caagcaggac tttgaggca gttgtggccca ctgtgggtggc 2100

|    |             |             |             |             |             |                 |
|----|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-----------------|
| 5  | agtggagggtg | gggtgtttgg  | gaggctgcgt  | gccagtcaga  | aagaaaaagg  | tttcattct2160   |
|    | cacattgcca  | ggatgataag  | ttccttcctt  | tttctttaaa  | gaagttgaag  | tttaggaatc2220  |
|    | cttggtgcc   | aactgggttt  | tgaaagtagg  | gacccagag   | tttacctag   | agaacagggt2280  |
|    | gttttaagg   | gttatcttag  | atgtttcaca  | ccggaagggtt | tttaaacact  | aaaatatata2340  |
|    | attatagtt   | aaggctaaaa  | agtatatttt  | ttgcagagga  | tgttcataag  | gccagttatga2400 |
|    | ttataaaatg  | caatctcccc  | ttgattttaa  | ccttcgcctt  | ttgatgttac  | agatttataa2460  |
| 10 | cagtttattt  | ttaaagatag  | atccttttat  | aggtgagaaa  | aaaacaatct  | ggaagaaaaa2520  |
|    | aaccacacaa  | agacattgtat | ttagccgttt  | tggcgtttcc  | cagagtcatc  | tgatggaca2580   |
|    | ggcatgggtt  | caagggaaaat | tagggtaactc | aacctaagtt  | cggttccgtat | gaattcttat2640  |
|    | cccctgcccc  | ttccctttaaa | aaacttagtg  | acaaaataga  | caatttgcac  | atctggcta2700   |
|    | tgtattttctt | gtatTTTTA   | tttaggaagt  | gttgaaggga  | gttggcaaga  | gtgtggaggc2760  |
| 15 | tgacgtgtga  | gggaggacac  | gcgggaggag  | gtgtgaggag  | gaggctcccg  | agggaaaggg2820  |
|    | gccccggccca | caccggggac  | aggccgcagc  | tccatTTTCT  | tatgcgcgt   | ctaccgttga2880  |
|    | cttccaggca  | cgggtggaa   | atattcacat  | cgcttctgtt  | tatctcttc   | acattgtttg2940  |
|    | ctgttattgg  | aggatcagtt  | ttttgtttta  | caatgtcata  | tactgccccat | tactagtttt3000  |
| 20 | agttttctct  | tagaacattt  | tattacagat  | gcctttttt   | tagtttttt   | ttttttatg3060   |
|    | tgtatcaattt | tgacttaatg  | tgattactgc  | tctattccaa  | aaaggttgt   | gtttcacaat3120  |
|    | acctcatgct  | tcacttagcc  | atggtgacc   | cagcgggcag  | gttctgcctt  | ctttggcggg3180  |
|    | cagacacgcg  | ggcgcgatcc  | cacacaggt   | ggcgggggccc | ggcccccagg  | ccgcgtgcgt3240  |
| 25 | gagaaccgcg  | ccgggtgtccc | cagagaccag  | gctgtgtccc  | tcttctcttc  | cctgcgcctg3300  |
|    | tgtatgtggg  | cacttcatct  | gatcgggggc  | gtagatcata  | gtagttttt   | cagctgtgtt3360  |
|    | attcttgcgt  | tgtatgtatg  | gaagttgtat  | aattattatt  | tatattataa  | caatgtgtct3420  |
|    | acgtqccaca  | gggcgttgta  | ctgttagga   |             |             | 3448            |

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1574 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

65 gctctctgct ccgggtgcagg cgcgccagggc gcccctgggct gggagcaacg cgactgaccg 60
tgtcgtggg cggacggcgg ctgcagcgtg gagggagctgg ggtcgctgtg ggtcgcaac 120
agagccccggg acgtgcgcgc ttgggtgcacg atccctgaagg ggagctccga ggggccccggg 180
tcgcccaggcc tgctgcggcc attcccgag cccggcgcgg ggcccgcgag atactggtt 240
aqqccatccc aqqqctcccq qcqccaccccq tqqccqctgc tgcaqcgqag ggagcgccgc 300

```

# DE 198 13 839 A 1

ggccgcgggg gctcggagac agcgtttctc ccggaagtct tcctcggca gcagggtgg 360  
 agtgggagcc ggagccgcg ctggcagcg tctctccgca ggtcggcacc atgcgcctg 420  
 cagccctcg cgccccctg ctggctgcc tctgcctggc gttgcgttgc ctggcggtg 480  
 5  
 cggacaagcg cctgcgtgac aaccatgagt ggaaaaaaact aattatggtt cagcactggc 540  
 ctgagacagt atgcgagaaa attcaaaccg actgttagaga ccctccggat tactggacaa 600  
 tacatggact atggcccgt aaaagtgaag gatgtatag atcgtggccc ttcaatttag 660  
 aagagattaa ggatctttg ccagaaatga gggcatactg gcctgacgta attcactcg 720  
 ttccaatcg cagccgcctc tggaaagcatg agtggaaaaa gcatgggacc tgccgc 780  
 10  
 aggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840  
 agctggacct caacagtgtg ctctaaaat tggggataaaa accatccatc aattactacc 900  
 aagttgcaga ttttaagat gcccggcca gagtatatgg agtataccccc aaaaatccagt 960  
 gcctccacc aagccaggat gagaaggatc agacaattgg tcagatagaa ctgtgcctca 1020  
 15  
 ctaagcaaga ccagcagctg caaaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tcccccaagc 1080  
 aggaagtctg gctggcaat gggccgcgg agagccggg tctgagagtc tgtgaagatgl 1140  
 gcccagtctt ctatccccca cctaaaaaaga ccaagcattt atgcccagaat ttggaaata 1200  
 ttctgttta aaaagcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaaaaa caactccaa 1260  
 gtgaagtctg ttatatttc tttttccctt ccatgcctgt gaattgggtg ttgtggccc 1320  
 20  
 tgttagtgta gtgcgttgtt cgtacacggg gggaaaggag ctctgcccacg cctgggtggc 1380  
 tggggataaaa ggtcgcggga ttgttttaggg tttttctct gttaaactct 1440  
 tcagtgcggc ggttagatcag gcagggtata ttgggattta gacaggtggc accggttcag 1500  
 gggactccg ctggcggag gtttcccccc tgggagccgg ctgcctgct ttggggagg 1560  
 25  
 ggcctggaa aggcc 1574

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

30

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3070 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

### (iv) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

60

ccggagtgtt tttatcggt tctgttctgt cctctccacc acccccaccc ccctccctcc 60  
 ggtgtgtg ccgctgcgcg gcgaccgcgg agcctcgta gcctgcgcag cccctcacag 120  
 gaggcccgac ccgagtgcag tccagaagcc ccccccagcgg aggccgcaga gtaaaagagc 180  
 65  
 aagcttttgtt gagataatcg aagaactttt ctccccctt tttttttttt agtggtgcca 240

DE 198 13 839 A 1

ggtactgggtt ttggagaact tgtctacaac cagggattga ttttaaagat gtctttttt 300  
 attttactttt ttttaaagca ccaaattttg ttgtttttt ttttctccc ctccccacag 360  
 atccccatctc aaatcattct gttaaccacc attccaacag gtcgaggaga gcttaaacac 420  
 cttcttcctc tgcttggtt ctcttttatt ttttatttt tcgcatacg attaatgttt 480  
 ttgcatactt tgcatctta ttcaaaagtg taaactttct ttgtcaatct atggacatgc 540  
 ccatatatga aggagatggg tgggtcaaaa aggatatac aatgaagtg taggggtcac 600  
 aatggggaaa ttgaagtgtt gcataacatt gccaaaatag tgcactacta gaaatgggt 660  
 aaaggctttt tttttttttt taaaagaaa agtattacc atgtatttt tgaggcaggt 720  
 ttacaacact acaagtcttg agttaagaag gaaagaggaa aaaagaaaa acaccaatac 780  
 ccagatttaa aaaaaaaaaa acgatcatag tcttaggagt tcatttaaac cataggaact 840  
 tttcacttat ctcatgttag ctgtaccagt cagtattaa gtagaactac aagttgtata 900  
 ggctttattt tttattgtct gtttatgacc ttaataaagt gtaattatgt attaccagca 960  
 ggggtttttt aactgtgact attgtataaa aacaatctt gatatccaga agcacatgaa 1020  
 gtttgcaact ttccaccctg cccattttt taaaactgca gtcatactgg acctttaaa 1080  
 acacaaattt taaactcaac caagctgtga taagtggaa gtttactgtt tatactgtgg 1140  
 tatgtttttt attacagcag ataatgtttt ctttccagt cgtctttag aataaagga 1200  
 aaaaaatctt cagatgcaat gtttttgtt agcatctgt ctatcatgtt ttgtaaatac 1260  
 tggagaagct ttgaccaatt tgacttagag atgaatgtt actttgccta caaaaattgc 1320  
 tattaaactc ctgcttaagg ttttctaatt ttctgtgagc acactaaaag cgaaaaataa 1380  
 atgtgaataa aatgtaaaaa attgttggtt ttttttatgt tctaataata ctgagacttc 1440  
 taggtcttag gttaattttt aggaagatct tgcataccat caggagtaaa ttttattgtg 1500  
 gttcttaatc tgaagtttc aagctctgaa attcataatc cgcagtgtca gattacgtg 1560  
 aggaagatct tacaacattc catgtcaat ctgttaccat ttattggcat ttagtttca 1620  
 ttaagaattt gaacataattt ttttttaatg tagctatata gcatgtcaga ttaaatcatt 1680  
 tacaacaaaaa ggggtgtgaa cctaagacta ttttaatgtc ttatgagaaa atttcataaa 1740  
 gccatttcctc tgcatttcag gtccagaaaac aaattttaaa ctgagtgaga gtctataga 1800  
 tccataactgc agatgggtca tggaaatgtga ccaaatgtgt ttcaaaaaattt gatgggtgt 1860  
 tacctgttat tggtaatttgc tagtgcttgg ctaatttcca aattattgca taatatgttca 1920  
 taccttaaga aaacagggtt atgtaacaaa gtaatgggtt tgaatggatg atgcagttc 1980  
 atgggccttt agcatagttt taagcatctt tttttttttt ttttgaag tggtagca 2040  
 tcttggtact caaaggataa gacagacaat aataacttcac tgaatataa taatctttac 2100  
 tagtttacct cctctgtct ttgccacccg ataaactggat atcttttct tcaaaggacc 2160  
 ctaaaactgat tggaaattttt gatatgtatc aaaaacatta ttccatttaa tgacacatctg 2220  
 ttttgctgtt tttagcagttt gtgcagttt ggggtcatga taaatcattt aaccacatgt 2280  
 gtaacaactg aatgccaaat cttaaactca ttagaaaaat aacaatttag gtttgacac 2340  
 gcattcttaa ttgaaataat ggatcaaaaa tagtggttca tgacccttacc aaacaccctt 2400  
 gctactaata aaatcaaata acacttagaa gggatgtat ttttagttttag ggtttcttga 2460  
 tcttggagga tggtaaaatg taaaatgtt aatttggtaa ccaaaggact gatttatggg 2520  
 tcttccttat cttaaaccaac gtttcttag ttaccttagat ggccaagttac agtgcctgg 2580  
 atgttagtaag actcagtaaa aaagtggatt tttaaaataa actcccaaag tgaatagtca 2640  
 aaaatccgt tagcaaactg ttatataattt ctaagttgtt tcttttaaca gctggaaattt 2700  
 attaagatgc attatttgtt ttttatttcac tgctaaaac actttgggtg gtattgtatgg 2760  
 agttgggtga ttccctcca agtgattaaa tggaaatttga cgtatctttt catccaaagt 2820  
 tttgtacatc atgttttctt acggaaaaaa atgtaatat ggctttttt tattactaaa 2880  
 aatagcttt agattaagga aaaataaata actcttgcac agttcagttat tgcattttttt 2940  
 atctgtatttgcagttatgtt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3000  
 tataataatc atttgatcca attccttattt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 3060  
 aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa 3070

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2751 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzeln

## (D) TOPOLOGIE: linear

|                                                                                                    |    |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 5  |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN                                                                           | 10 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN                                                                             |    |
| (vi) HERKUNFT:                                                                                     |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                                                             | 15 |
| (C) ORGAN:                                                                                         |    |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT:                                                                           |    |
| (A) BIBLIOTHEK: cDNA library                                                                       | 20 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:                                                           | 25 |
| tggggctgga gtgcactagt cttttgctt ggtagtttg catggtttag gttaaaaat 60                                  |    |
| aattccgaag atacaccagc tcacaaatga aaacgtcagc ctctgcgcca ccctccctcc 120                              |    |
| tgcccaaagt gaatttggta ctcagaaaag aactgtttat accactcacc tttctccag 180                               |    |
| catgtactca ctgtgggcag atgcaccaat acatggtaat cctcttactc attttaagac 240                              |    |
| gtaggaaact caatattctt ctctaaccat atacgatagg gctcttcgct ttaatgata 300                               |    |
| tctggattt ctgtggaact tggcaaattt tcagagcacc ttcaactaca taatgtcatt 360                               |    |
| tgaacctcac aatgttcttggatggagtc agttgttcag ggtccccgtg tgtgtgataa 420                                |    |
| gcagtgcctgg ctggctgtct tcagaactctt tggaaatctt tacacatgcg agtgctaacc 480                            |    |
| actttgagca aggctgcctt ctgttagatg acttgctgtt ctttatgaca gggatcagt 540                               | 35 |
| gcatttgttt cctagcagta tttagcacct ttttgcacc ttggtaaca gaaaattgta 600                                |    |
| tittccctgtc tttcatggct gaaaacaaaa gtaatggaa ttttaaatac gtttgcagaa 660                              |    |
| actgccttc ccctcatttgc gggtaactgc tcaagagtgc aggagtggac tctccactga 720                              |    |
| tgggtctccc tccccatctt ggtttccacc ccgggctgac tagctctgtt ggtttgaaga 780                              |    |
| ctgacagcca gcctggctca ttctcattat tggcttagtta gctttcttta tcaacctgct 840                             |    |
| cactcacaaa tggatggccct cagccagaga gtaagaaagc ccaaatactgt tacagcttct 900                            |    |
| aaaaaaaaatag atttctaatt tgcctactc atgttaggag cattatctt gaaggtaaaa 960                              |    |
| catagtgtat cattgtgtaa actcccaggc ttgatgtgc agaagagatc atttctggag 1020                              |    |
| gcttcagcaa tggaaatttag cattataaga gagattggac aaaccagtcc aaagtggcc 1080                             | 45 |
| gagttcttaa atccaggtag ggaactcact cttctttctt ctctggaccat aattggcat 1140                             |    |
| tgggttttag ttagaccaca gaccaggccc gtctctctt taggcttttta attcaatggc 1200                             |    |
| aactctattt caaagaataa aagccttgg agagttcggt cagttctggg ggcgggctca 1260                              |    |
| ggagagtcca tagatcagcc gtaactggaa cgtagaatct acgtctgcct ctgaatggac 1320                             |    |
| ttccccacctc ctctctcttgc ctctgatgtt tgcctctgg cctctccatg cccaaagggtgg 1380                          | 50 |
| tcttcatcc ttgacaggtt ggtaatgtgc tggccacctc cagctcctgc atcgagtctg 1440                              |    |
| taaaccagag ctgggtctca tggccctcgt cacgatacca ggatacggag gggagccag 1500                              |    |
| ggccatccat acccaccacca gggtaacggg gctggcctgg cattagtcattat tagttttt 1560                           |    |
| ccagggccaaac catccagata gagattccctt ctttccttgc agcagtgc tcaagagctc 1620                            | 55 |
| cgtgcctgac cacaatgacc tagagtgcatt cctgcattt gtcagtgttag cccctcgccc 1680                            |    |
| ctatattcat ccaggataact tggaaatgtctt aaaataggaa gggattcggc ttcaacttt 1740                           |    |
| gctaccatct tccctgtac agggaaatgtac acatggactt aaatgttctt tggaaaaacc 1800                            |    |
| aaagttttaa gatttgcgtt gtgtatgtt gacaggggagg gccggagatca gcaagggtcc 1860                            | 60 |
| gactttctgt tctgtctgcc atgggtttgtt ccagctcagg tagctctagg agcaccatcc 1920                            |    |
| tgcccttagca gagcccccaggc cttggccctca tgaagcatca ttgaaatagc aggagcatgt 1980                         |    |
| tgatttcttgc tttaggttgc attataataa caagagtca g aacattaatt cggaaacaact 2040                          |    |
| tgcaatgc atttcttcac accagtagat tcttaatgtt acttgittat aaggaataac 2100                               |    |
| ataaaactaat ctgtacccat tatatataatgtt gtgtgtacat atatacatat ataaaactgt 2160                         | 65 |

tagtgtacat ggtaatgatt tattgctatg ccccagatcc ttaatgtagt tctcatcctc2220  
 5 cgcacgccct cagccacaag cgggtgactg actgttccct gatgatttgg cccacccct2280  
 gtgtttggac ctcttagggag gagggtttg gtcataactct ctttatcctc gtgcacagaa2340  
 atgctcaggg tccccatgtg cctgttgc agccctctt ctttccct ttctgagcat2400  
 gtggccctc cccaggctgt gggacagctg cttcccacg aaagtgtaaa gcagtattaa2460  
 gatcattact gcatgtgcc taaaaaccca agtttctat tcccttagga cagaaaattg2520  
 catgtgaggt gggataatcg agttttagtg acccacgtca gttacacatt aaagccagac2580  
 10 cccatgataa aattccacaa aatggaaata aaactcaaat ttcttagca ttgtgtaaat2640  
 aaatctgaat gtgttaact ttgtactggt aatttctgt atatttggaa tatttgggtt2700  
 aaaaataaaaaa cagactggac tttgttacct gacctactga aaaaaaaaaa a 2751

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

50 ggcggcgggg aggggggggg cgatgcggg gacagcggcc tggctaactc ctgccaggca 60  
 gtgccttcc cggagcgtgc cctcgccgtc gagctccctt gaacagcagc tgcagcagcc 120  
 atggccccgc cctgggtgcc cgccatgggc ttacacgtgg cgcccaagctt ggggtgttc 180  
 gtgggctccc gctttgtcca cggcgagggt ctccgtctgg acggccggct gcagaagccc 240  
 tcgtggcacc cgccccactg ggtgctggc cctgtctgg gcacgctcta ctcagccatg 300  
 55 gggtaacggct cttacactggc ctggaaagag ctgggaggct tcacagagaa ggctgtgggt 360  
 cccctgggcc tctacactgg gcagctggcc ctgaacttggg catggccccc catctcttt 420  
 ggtgccgcac aaatgggctg ggccttgggt gatctctgc tggtcagtgg ggcggccgca 480  
 gcactaccgt ggccttggac caggtgagcc cgctggccgc ccgcctgttc tacccttacc 540  
 60 tggccttggct ggccttgcg accacactca actactgcgt atggcgggac aaccatggct 600  
 ggcgtggggg acggcggctg ccagagttag tgcccgccccc accaggact gcagctgcac 660  
 cagcagggtgc catcacgttt gtatgtggt ggcgtcactg ctttcatgac cactggccct 720  
 gcttagtctgt cagggccttgc gcccagggtt cagcagact tcagagggtgg ccccacctga 780  
 65 gccccccaccc gggagcgtg tcctgtgtt tctgcatgt tagagcatgt tcttggaaaca 840  
 tgaaatttta taagctgaat aaagtttttgc acttccttta aaaaaaaaaa 890

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 5  
 (A) LÄNGE: 693 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear 10
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA 15
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN 20
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: 25
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35: 30

```

cgtcctttca tccggcggtt tgcctgcagc aagatggcg cggtctcaat gtcagtggtt 60
ctgaggcaga cgttgtggcg gagaaggcgta gtggctgttag ctgccctttc cgttccagg 120 35
gttccgacca ggtcggttgcg gacttccaca tggagattgg cacaggacca gactcaagac 180
acacaactca taacagttga tgaaaaattt gatatcacta ctttaactgg cgttccagaa 240
gagcatataa aaactagaaaa agtcaggatc tttgttccttgc ctcgcaataa catgcagtct 300
ggagtaaaca acacaaaagaa atgaaagatg gagtttgcgat ccagggagcg atggaaaaat 360
cctttgatgg gttgggcatc aacggctgtat cccttataccatgcgttct aaccttcagt 420 40
actaaagaag atgcagtttc ctgtgcagaa aaaaatggat ggagctatga cattgaagag 480
aggaaggttc caaaaacccaa gtccaagtct tatggtgcaa actttcttgc gaacaaaaga 540
acaagagtat ccacaaaata ggttggcact gactataatct ctgcttgact gtgaataaaag 600
tcagctatgc agtattttata gtccatgttat aataaataca tctcttaatc tcctaataaa 660 45
ttggacctt aaactacaaa aaaaaaaaaaaa aaa 693

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 50  
 (A) LÄNGE: 1054 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear 55
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA 60
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN 65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

gcagactcacg cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctgct . 60  
gcagatctcc acgcggccgg aggatctcg ggagacagtc tgctccctca agttcgccga 120  
20 ccgagtgggt caagtggagc tggggccagc ccggcgccgc agggtcccgc gtcctccgg 180  
gacgcctct tcctcagca ccgacactcc gtcaccggg accccctgca cccctacgcc 240  
gtcccctggc agtcctccat gccccagtcc cgacaacggc tgggctcgg ctctcgcgcc 300  
cgcagagggc ctgcccctct agtcctgggt cgccgcctg cccatgggtt ctcaggccag 360  
25 gtctctgctg gcagaggcgg tagtaaagtc cctgtacccc gtctcccgagg gcacaagctc 420  
cctagcctct ttggatccat tgcccctgag ctcccagagt gacccctcca cctccgcagc 480  
cagtgaagtg ttttgtgcct gctgaagtga tcaccccccgg ccccccagccccc tgcatcaggc 540  
cacaggtctt ggctttctcc ttatcaccat ttgctgttat cacggcacac agcagggaaat 600  
30 cccaggcccc cccgccaagt ggttacccaa gtcaccactc ctgacccaaa aatcaggcat 660  
ggcattaaaa cgttgcaaata tcctttactg ttatcccccc caccaccagg accatgtagg 720  
gtgcagtctt tactccctaa cccgtttccc gaaaaagggtg ctacctcctt tccagacaga 780  
tgagagaggg caggactcta ggctggatcc accactgggc tctccctccc ccagcctgga 840  
35 gcacgggagg ggaggtgacg gctgggtact gatggatggg tagtgggctg agaagagggg 900  
acttaggaagg gctattccag gctcagccct gtcctgcag ctttgcgcgt gagtgttagga 960  
aaaacaggca tgacagacca gggtgagggt ttttgcgcgt tggccacgg ccatgcgtgg1020  
50 ggtggcccaa taaacaccgt ggactcccaa aaaa 1054

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 541 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

aaaaatattt gctggaaagg acgggtggag gattacaggc gtgagccact gcgcggcc 60  
 acattcagtt ctatcaaag aaataaccca gacataatct tgaatgatac gattatgcc 120  
 aatattaagt aaaaaatata agaaaagggtt atcttaataa gatcttaggc aaaaataccag 180  
 ctgtatgaagg catctgatgc cttcatctgt tcagtcatct ccaaaaacag taaaaataac 240  
 cacttttgt tggcaatat gaaattttta aaggagtaga ataccaaatg atagaaacag 300  
 actgcctgaa ttgagaattt tgattttta aagtgtgtt ctttctaaat tgctgttcct 360  
 taatttgatt aatttaattc atgtattatg attaaatctg aggcatgtaa aaaatacaaa 420  
 attgaaataa ttactaatta atcacaaatg tgaagttatg catgtatgtaa aaaaatacaaa 480  
 cattctaatt aaaggcttg caacacaaaa gaaagaaaaa aagaaaaagaa aaggggaaagg 540  
 g 541 15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

20

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1187 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

cggctcgagg ccattcacca acccgccccg caaggacgga gcaatgttct tccactggcg 60  
 acgtgcagcg gaggagggca aggactaccc ctttgccagg ttcataataaga ctgtgcaggt 120  
 gcctgtgtac tcggagcagg agtaccagct ttatctccac gatgtatgtt ggactaaggc 180  
 agaaactgac caccttttg acctcagccg ccgccttgac ctgcgttttg ttgttatcca 240  
 tgaccggat gaccaccagc agttcaagaa gcgttctgtg gaagacctga aggagcggta 300  
 ctaccacatc tggctacaatc ttgccaacgt gcggggctgtg ccaggcacag accttaagat 360  
 accagtattt gatgtctggc acgaacgacg gcggaaaggaa cagcttgcgc gtctctacaa 420  
 ccggacccca gagcagggtgg cagaggagga gtacctgcta caggagctgc gcaagattga 480  
 ggccccggaaag aaggagcggg agaaacgcac ccaggacctg cagaagctga tcacagcggc 540  
 agacaccact gcagagcagc ggcgcacgga acgcaaggcc cccaaaaaga agctacccca 600  
 gaaaaaggag gctgagaagc cggctgttcc tgagactgca ggcataaagt ttccagactt 660  
 caagtctgca ggtgtcacgc tgcggagcca acggatgaag ctgccaagct ctgtgggaca 720  
 65

gaagaagatc aaggccctgg aacagatgct gctggagctt ggtgtggagc tgagcccac 780  
 acctacggag gagctggtc acatgttcaa tgagctgcga aggacctggt gctgctctac 840  
 gagctcaagc aggcctgtgc caactgcag tatgagctgc agatgctgc gcaccgtcat 900  
 5 gaggcactgg cccgggctgg tgtcttaggg ggcctgcca caccagcatc aggcccaggc 960  
 ccggcctctg ctgagccggc agtactgaa cccggacttg gtcctgaccc caaggacacc 1020  
 atcattgatg tggtgtggcg acccctcacg cccaaattcga gaaagcgacg ggagtgcggcc 1080  
 tccagctcat cttccgtgaa gaaagccaag aagccgtgag agggcccacg gggtgtggcc 1140  
 10 gacgctgtta tgtaaataga gctgctgagt tggaaaaaaa aaaaaaaa 1187

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2281 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

## 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## 30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

gggtagaagt cggtagagcc agaaactcac ttttgcgtt ggtgtgcccc tagtggcgag 60  
 ctggattcta aatcggtccc tttatccct gcagccctga agttcagtcc atcttgaaga 120  
 tctcccaacc tcaggagcct gagcttatga atgcaccc ttctcccca ccaagtcctt 180  
 ctcagcaaat caacccgtgc ccgtcgtcca atcctcatgc taaaccatct gactttcact 240  
 tcttggaaagt gatcgaaag ggcagtttg gaaaggttct tctagcaaga cacaaggcag 300  
 50 aagaagtgtt ctatgcgtc aaagtttac agaagaaagc aatcctgaaa aagaaagagg 360  
 agaagcataat tatgtcgagg cgaaatgttgc tggtaagaa tggtaagcac cccttcctgg 420  
 tgggccttca cttcttttc cagactgtc acaaattgtt ctttgcctt gactacat 480  
 atgggtggaga gttgttctac catctccaga gggAACGCTG cttccctggaa ccacgggctc 540  
 55 gtttctatgc tgctgaaata gccagtgcct tggcttaccc gcaattcactg aacatcggtt 600  
 atagagactt aaaaccagag aatatttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660  
 acttcggact ctgcaaggag aacattgaac acaacagcac aacatccacc ttctgtggca 720  
 cggccggagta tctcgacactt gaggtgcttc ataagcagcc ttatgacagg actgtggact 780  
 ggtgggtcct gggagctgtc ttgtatgaga tgctgtatgg cctggccct ttttatagcc 840  
 60 gaaacacagc tgaatgtac gacaacattc tgaacaaggc ttccagctg aaaccaaata 900  
 ttacaaattc cgcaagacac ctcctggagg gcctcctgca gaaggacagg acaaagcgac 960  
 tcggggccaa ggtacttc atggagatta aggtcatgt cttcttctcc ttaattaact 1020  
 gggatgtatct cattaataag aagattactc cccctttaa cccaaatgtg agtggggcc 1080  
 65 acgacctacg gcactttgac cccgagttt cccaaatgtg agtggggcc 1140

DE 198 13 839 A 1

agtccccctga cagcgtcctc gtcacagcca gcgtcaagga agctgccgag gctttccctag1200  
 gctttccctta tgccctccc acggacttt tcctctgaac cctgttaggg ctgggtttta1260  
 aaggatttta tgggtgtttc cgaatgttt agttagcctt ttgggtggagc cgccagctgal320  
 caggacatct tacaaagagaa ttgcacalc tcttggaaact tagcaatctt attgcacactl380  
 gttcgcttga agcttttga agagcacatt ctccctcagtg agctcatgag gtttcatl1440  
 ttattcttcc ttccaacgtg gtgctatctc tgaaacgagc gtttagagtgc cgcccttagac1500  
 ggaggcagga gtttcgttag aaagcggacg ctgttctaaa aaaggcttcc tgcagatctgl560  
 tctgggttgtt gatgacgaat attatgaaat gtgcctttt tgaagagatt gtgttagctcl620  
 caaagctttt cctatcgcag tggttcagtt cttaattttt ccttgtggat atgctgtgtl680  
 aaccgtcggt tgagtgtgtt atgcctgatc acagatggat ttgttataa gcatcaatgtl740  
 gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgttt ctccatatt tggaaagataal800  
 atttatgtgt agactttttt gtaagatacg gttaaaaactt aaaatttattt gaaatggctl860  
 tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaaga aagcattgct gctacaataa ttcttattttl920  
 tagaaagggi ttttatggac caatgccccca gttgtcagtc agagccgttg gtgtttttcal1980  
 ttgtttaaaaa tgtcacctgt aaaatggca ttatttatgt tttttttttt gcattcctga2040  
 taattgtatg tattgtataa agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatttaa2100  
 acttacaggc ttattttgtaa tgtaaaccac cattttatgt tactgttaattt aacatggta2160  
 taatacgtac aatccctccc tcataccatc acacaacttt ttttgggtgt gataaaactgaa2220  
 ttttgggtttg caataaaaacc ttgaaaaata tttaaaaaaaa aaaaaaaaaa ggggcggccg2280  
 C 2281

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:40 :

- #### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

- (A) LÄNGE: 1759 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

- HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

58

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gccccggcgg ttgaactgac tcggagcgag gagaccgag cgagcagacg cggccctggc 60
gccccccctg cgcaactcacc atggcgatgc atttcatttt cttagataca gcgtgtcttc 120
tgtttgcattt ctggagtgtc cacagtccctg ctggcatggc ctttcgtgt tggtgtctcc 180
tgcttctggc tgtaactgtat gaaggcatca agttggcaa agccaagctg ctcacaccagg 240
tactggtgaa cctgccaacc tccatcagcc agcagaccat cgcaagaca gacggggact 300
ctgcaggcgc agattcattt cctgttggca gaacccacca caggtggtat ttgtgtcaact 360

```

ttggccagtc tctaattccat gtcattcagg tggtcatcggtacttcatc atgctggccg 420  
 taatgtccca caacacccgg attttcccttg gtgtggctt gggctctgt gtgggctact 480  
 accttagctt cccacttctc agcacagctt agctggtag gAACGTGAG gcactgaaggc 540  
 5 tggagggaca tggagcccccc tcttccagac actataacttc caactgcctt ttcttctgtat 600  
 ggctattcctt ccaccttattt cccagccccct ggaaactttg agctgaagcc agcacttgct 660  
 ccctggagtt cggaagccat tgcaagcaacc ttcccttcata gccagcctac atagggccca 720  
 ggcatggctt tgggtcttaa gacagctgt gtgaccaaag ggagaatggg gataacaggg 780  
 10 gtggcagggt tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctcaaaccag gaatttccaa 840  
 agatttcaag ccagggagaa ggggtcttgg tggatgcaggg catggAACCTT ggacaccctc 900  
 agctctcctg ctttgtgcct tatctacagg agcatgcggc attggacttc ctgacccctt 960  
 ctgtctttaa gggacagaga ccaagctaga tccttttctt caccttctg cctttggAAC1020  
 acatgaagat catctcgct atggatcatg ttgacaaact aagttttttt tattttccca1080  
 15 attgaactcc tagttggcaa ttttgcacat tcataaaaaaa aaatttttaa tgaaatgatt1140  
 tcatttatttgc atgatggatg gcagaaaactt ctgagacta ttcccttttcc ttggggagag1200  
 aataagtgc acgtgattaa aggagagac acaggacttc ttccaggctc ctggtttattt1260  
 ctctgataga ctgagctctt tccaccagaa ggcactggct gcaggaagaa gatgatctgal1320  
 20 tggccgtggg tggctggaa gctttcggt gcctcaatgc cctcccttat cctcatctt1380  
 ctcttatgca gaacaaaaaaatg ctgcatttca taatgttcaa tacttaatat tctctatattt1440  
 ttacttactg cttaactcgta atgatctgtt gggggaaacat gattcattca cttaaaaatac1500  
 tgattaagcc atggcaggtt ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacattttt1560  
 25 tgagtttagat gggactctt ggtatgttgc accttcttcac tttataaaaaa aggaaagaga1620  
 gaaaatcact gctgtataact aaatacctca cagatttagat gaaaagatgg ttgtaaagctt1680  
 tgggaattaa aaacaaacaa atacatitttta gtaaatatataa aaattttaaa tagaaaaaaa1740  
 agaaaaaaatg agcagggtt 1759

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 50 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:
- ```

    ggtctacctc tggggataaac cgtcccagtt gccagagaaaa caataacgttccattattttaat 60
    aagtcatcggt tgattgggtcc gcccctgagg ttaatctttaa aagcccaggt taccggcgga 120
    65 aatttatgttgcgttccatc cgtgacaatg cagctgagggacccagaact acatctgggc 180
  
```

DE 198 13 839 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 831 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(v) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vi) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

ggagtccctc ttgtcaccc ttgacttggaa aaaaccaggtt tctcttttat tgcgttgtac 60      60
taatctctat tctaaaaatt cagctcaatt ctcaaccata ctccaaactc tctcttttcc 120
agctacccccc actccctctc cttcaattcc actttccctt gcttactttt ttttttttcc 180
tgacagggttc tcactttgtc gccccggcag gagtgcaactg gctcaatctt gggctcaactg 240

```

5 cagcctcaac ctcccagagg cggggctca ccatgttgcc cagactggc ttgaactcct 300  
 gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtgagcaa 360  
 cccatccgg cctcatgttc ttttcattt aagagagaaa tcaactattc aggaccggcc 420  
 10 cccacccccc ctcaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgctttat 480  
 ataggatttc agtggagtga agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggcctcggc 540  
 agccaccggcc accaccggcc cggccaccac cgttagcagca gcagcagcag cagcagcagc 600  
 agcagcagca gcaagagtaa ctctgactta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660  
 caatgaagga gacatctgga gtgtcggtgc ttcttcagag ggacgggtga tggcagatt 720  
 ggaaaaagca ccgcagatgg gaaccttaat ctttctttc taaaattgtat gctatgaaaa 780  
 ttgcgttt ctgttaactt aaaaaactaa aagttccccg tctactgaaa a 831

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 528 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 35 (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

acgaagctga ctccctggcca ggccagcccc tggttcccta cccataccccc tgtgagcttg 60  
 50 cgccagctcac gccttacctc cctccctctg gtctgcagat ctctcacttc aagattccga 120  
 agtacatcgat gtttgtcaca aactacccccc tcaccatttc agggaaagatc cagaaattca 180  
 aacttcgaga gcagatggaa cgacatctaa atctgtgaat aaagcagcag gcctgtccctg 240  
 gccgggttggc ttgactctct cctgtcagaa tgcaacctgg ctttatgcac ctagatgtcc 300  
 ccagcaccca gttctgagcc aggacacatca aatgtcaagg aattgactga acgaactaag 360  
 55 agctcctgga tgggtccggg aactcgccctg ggcacaaggt gccaaaaggc aggcagcctg 420  
 cccaggccct ccctcctgtc catcccccac attccctgt ctgtccttgt gatttggcat 480  
 aaagagcttc tgtttcttt ggctaa 528

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 1027 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44 :

```

ggctttgtcc tttgctcctg ctccccgtgg accatggac cttaaagcgt tgcagggtcc 60
tgatggac agaggtgtgg ggcccttcag gccgttacat acctcctgcc aattctctaa 120
ctctctgaga ctgcgaggat ctccaggcag ggttctcacc tctggagtct gaccaattac 180
ttcattttgc ttcaaattggc caattgtgca gagggacaaa gccacagcca cactcttcaa 240
cggttaccaa actgtttttg gaaattcaca ccaagggtcgg gcccactgca ggcagctggc 300
acacgtggcc cgaggggtcg tggAACGGGT cccggaaactg tcagacatgt ttgattttag 360
cgttccctt gttcttcacaa tcaggtgccc aaataagtga tcagcacagc tgcttccaaa 420
taggagaaac cataaaatag gatgaaaatc aagtaaaatg caaagatgtc cacactgttt 480
taaaacttgc cctgtatggaa atgtgagcac tggtagcaga tgcttatggg agaggaaaag 540
cgtatctgaa aatggtccag gacaggagga tgaaatgaga tcccgaggtc ctcacacctg 600
aattaaatat acatgtgcct taccagggtga gtggtcttc gaagataaaa aactctagtc 660
cctttaaacg tttgccccctg gcgttcccta agtacaaaaa ggtttttaag tcttcgaaca 720
gtctcccttc atgactttaa caggattctg cccccctgagg tggaaattttt ttgttctatt 780
ttttccacg tactccacag ccaacatcac gaggtgtaat ttttaatttg' atcagaactg 840
ttaccaaaaaa acaactgtca gttttattga gatggggaaaa atgaaacct atttttatta 900
cttaagactt tatggggagag attagacact ggaggtttt aacagaacgt gtatttatta 960
atgttcaaaa cactggaaatt acaaatttggaa agagtctaca ataaattaag atttttgaat 1020
ttaaaaaa 1027

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

50

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2160 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45 :

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

65 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 642 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure	
(C) STrang: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	5
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	10
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vi) HERKUNFT:	15
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:	20
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library	
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46 :	25
cgacggggccg cgccgcctggc gcatgcgcgc cggcgaccac gcctaaatag ccgcagccctc 60 tgcgcgtcgc cttccacggt taccggcgt ctccgcctt cttctcgcg ggcgtcgagg 120 gaccatggcc gatcctcgcg tgagacagat caagatcaag accggcggtgg tgaagcggtt 180 ggtaaaagaa aaagtgtatgt atgaaaaaaa ggcaaaacaa caagaagaaa agattgaaaa 240 aatgagagct gaagacggtg aaaattatga cattaaaaaaag cagcgagaga tcctacaaga 300 atccaggatg atgatcccag attgccagcg caggttgaa gcccataatt tggatctca 360 acggatacta gaaaaatgaaa aagacttggg agaagctgag gaatataaaag aagcacgtt 420 agtactggat tcagtgaagt tagaaggctg aaactttct cgtatgggggt ggtttttgca 480 ttaaatcctg gggtccat tacaatccat tattttgac cactgctaatt tgggtcaag 540 gagggtatggag gaatgttcga ttggttttta gctggttaca atataagatt cgtttgcgtt 600 atttgacaat gcaaaagaaaa tgggggcacc cgattaaaaaa aa 642	30 35 40
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:	..
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:	45
(A) LÄNGE: 1415 Basenpaare	
(B) TYP: Nukleinsäure	
(C) STrang: einzel	
(D) TOPOLOGIE: linear	50
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA	
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN	55
(iii) ANTI-SENSE: NEIN	
(vi) HERKUNFT:	60
(A) ORGANISMUS: MENSCH	
(C) ORGAN:	

- 5  
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47 :

10 ggcatctggc agaggggggt ggggctggc cagctgggt agagcggagg agcgggtgcc 60  
ggctgaagcg gggcggtggg cgccggagcga atggggcac cgacaccact cctcaccggc 120  
agccgggtgc tgagggccgc ggtgtgggtg cgccggacagt cagggcgcag gtgggcagcg 180  
cgcacggcct gccagcccgg ggcgccagaa tcctgcgcgt cggggccgag aggggcgcgg 240  
cgccccggcgc agcctggagc tttccgcgaa cctcggggcg cccatgacgg cggcggcgac 300  
15 ggctaccgtg ctcaaggagg gcgtgctgga gaagcgcagg gcggggctgc tgcagctgtg 360  
gaagcggaaac gctgcgttct caccgaacgc gggctgcagc tcttcgaggc caagggcacg 420  
ggccggccggc ccaaggagct cagttcgcgc cgcatcaagg ccgtggagtg cgtggagagc 480  
accggggcgcc acatctactt cacgctgggtg accgaagggg cggcgagatc gacttccgct 540  
20 gccccctgga agatcccgcc ttggAACGCCC agatcacccct aggctggtc aagttaaga 600  
accacggc catccagaca gtgcgggccc ggcagagcct cgggaccggg accctcgtgt 660  
cctaaaccac cgggcgcacc atctttcctt catgctaccc accacctcag tgctgaggtc 720  
aaggcagctt cgttgttccc tctggcttgc gggggcacgg ctgtgctcca tgtggcaagg 780  
25 tggaggcat ggacgtgtgg aggaggcgct ggagctgaag gaatggacga gcccctggag 840  
gagggcagaa ggctacgcag ggctgaggat gaagatgcag cccctggatg gtcccgact 900  
ctcaggacat gcccagctca gggcttcga gccacaggcc tggcctcata tggcatgagg 960  
gggagctggc ataggagccc cctccctgtc gtggtcctgc cctctgtcct gcagactgct 1020  
30 ctttagcccccc tggctttgtc ccaggcctgg aggagggcag tccccatgg ggtggccgagc 1080  
caacgcctca ggaatcagga ggccagcctg gtacaaaaag gagtacccag ggcctgtac 1140  
ccaggcccac tccagaatgg cctctggact caccttgaga agggggagct gctgggccta 1200  
aagcccactc ctgggggtct cctgctgtt aggtcccttt gggaccccca cccatccagg 1260  
ccctttcttt gcacacttct tccccccacct ctacgcacatc tccccccact gcggtgttcg 1320  
35 gcctgaaggt ggtgggggtg aggggggggtt tggccattag catttcatgt ctttccca 1380  
atgaagatgc cctgcaaagg gcagtaacca caaaa 1415

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2949 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 60 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

DE 198 13 839 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48 :

ggcggcgcg cgtggtgac ggcaacatgg cgtccaggta taagcgccgt gcccgtggaaa 60  
 gtgggttcc gcagccgccc gatccccag tccagcgcga cgagaagag gaaaaagaag 120  
 tcgaaaatga ggtatgaagac gatgatgaca gtgacaaggaa aaaggatgaa gaggacgagg 180  
 tcattgacga ggaagtgaat attgaatttg aagcttatic cctatcatg aatgattatg 240  
 acggaattaa gaaattactg cagcagctt ttctaaaggc tcctgtgaac actgcagaac 300  
 taacagatct cttaaattcaa cagaaccata ttgggaggtt gattaagcaa acggatgtt 360  
 cagaagacag caatgatgat atggatgaag atgagggttt tggttcata agcctttaa 420  
 atttaactga aagaaaagggt acccagtgtg ttgaacaat tcaagagttt gttctacgt 480  
 tctgtgagaa gaactgtgaa aagagcatgg ttgaacagct ggacaagttt ttaaatgaca 540  
 ccaccaagcc tggggcctt ctccctaaatg aagattcat taatgtccct ccacagatcg 600  
 ctctgccccat gtaccagcag cttagaaag aactggcggg ggcacacaga accaataagc 660  
 catgtggaa gtgctacttt tacctctga ttagtaagac atttgtggaa gcagggaaaa 720  
 acaattccaa aaagaaaacct agcaacaaaa agaaagctgc gtaatgttt gcaaatgcag 780  
 aggaagaatt ttctatgag aaggcaattc tcaagttcaa ctactcagtg caggaggaga 840  
 ggcacacttgc tctgggaggg aaatggtctt ttgatgacgt accaatgacg cccttgcga 900  
 ctgtgtgtt aattccaggg gacaagatga acgaaatcat ggataaactg aaagaatatc 960  
 tatctgtcta acccattttcc aatggacagt gatggcttg ttttgtaaa attaccagaal020  
 aactcagtgg agatttactg aaaaactcag actttattca gattaagttc ctctacaaaal080  
 agtagggttc tggcccatgt gtctctgaca catttacaaa ataccagttt tttaaaattt1140  
 tggtcaattt atgagtggtt gattaaaaaa cttttccaag aagaagaaaa gcatggagtc1200  
 gtaattttaa gaactcaata aaaacttcta ttttttattt taaaataata tacacagtgt1260  
 tattttcttc aagaccgtcc tggatgtg aaatccgtct tcgcgtcatg tatctccat1320  
 atccagcagt tcagccatcc agtacccctt gggaccctgc tgccacccgtt gtttgcggg1380  
 gagtcactgg agagtgcac tctgttcag ttcagggcac gtctcacaca tttgctgttc1440  
 cttatttcatgtt gttgacacag gggataaggta atccactact tgctgttagaa tgctcttact1500  
 ttcaacttagga ggcagattac tgaaatagta ttgtggtacc agctgcataa atagttcagg1560  
 agagatttct gaggtaatcc tgatgttagt gttctcagaa atgctgaattt tatggaagag1620  
 gaccctctt ggcacatcttct tggatgtg gtaaccagac agggatgca gctgagcaac1680  
 ctgcttatgt gtcacgatca agtagttacc tgatccatca acatcccgag caatctgcatt1740  
 aaagtaaccg gacagaagag ctttctttt gtttagagtg ttttcccttg agccaaagc1800  
 aggttctgca taggaaagct cgattcgctt gataatttct aagagttcag ctcgaataac1860  
 atctgccatt ctgatgtctt aacaggtagt gaaatataca cgacaccact tttccacaca1920  
 gtactcaactg cttagattca gagttgtgtc ttgtaagcc ttgttaatgc tgatgaggg1980  
 aaagtgtatct cttccggat gtaaaaatgt cttccaaacaa gtcaaggcag cctcttcagc2040  
 tccatgtggc acatgtgaaa agcaatttgg agctgttacc atggccgcga ttgttagcac2100  
 ttcatctaca cagtcaaatt cacaggacgc taagatagac ttcgagagtt gggatcaag2160  
 aggaaactct gacatgatga ttccaaattt agaaagattt ccacatcattt ccagtgcgtc2220  
 cagataatct aagtcttcca atgcctgcattt cttccatgtt ggtgtggtc tggtcatgaa2280  
 gtcacagtgg cctaggcccc caatgtctat cttccatgtt aaaagcacca tgctgttag2340  
 gttggcttcc tgcatttctt ctggcttcag tggcgtcatg tctttggagg cttttttcc2400  
 agtgtacagg cagaaaaattt ttccatgtt gtttccatgtt ggtgtgggg tttttttcc2460  
 tgcctggctt tggatgtgg gctgcatttcc gagcggatgtt gctttttcc tcgggttta2520  
 cacctttctt cttccacac ccacatcattt aacaaatctt actgagtttgc tccagatcaa2580  
 aaactctcca gagcttagtag ttaacaccac tttttttcc taaacttggc atttttttcc2640  
 tggttcatcg agtggcttgc acaatgtt gtttccatgtt ggatacaag gaacaaccac2700  
 cagttctcca agatctgggt ttaggtttaga ttcttgcattt acagtttccac agactttctc2760  
 aatatcttgc tcaacaggcca gaaagactac aatgtcaccct ttctcaccctt agtgggttaat2820  
 ttcaaaagata aggcgtaaaa tagactcaaa agaattccattt tgaggctcactt taaggatcac2880  
 aacccatccaca ggggttttat ttttccatgtt ttttccatgtt acgtttccat aataagaatt2940  
 gagtttgcgtt 2949

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 665 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

cctagacccg tccggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccgggt gagcgtcgac 60  
35 cgactgaaac ggcggcccat aatacattgc gatggcgggtt aggcgtgtgg gggcggagcc 120  
agggccggaa gtagagcggga ggtgggtggcg gcggaggctt tggcagctcg ggactgagtg 180  
caagaatcag catgattctt cagaggctct tcaggttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240  
tctcagtcca ttgcggagg aacattggtg ttacagcagt ggcatttaat aaggzaacttg 300  
atccatataca gaaactcttt gtggacaaga ttagagaata caaatctaag cgacagacat 360  
40 ctggaggacc tggatgtct agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagctttta 420  
agctcaagca aatgttttgtt aatgcagaca tgaatacatt tcccaccttc aaatttgaag 480  
atcccaaatt tgaagtcatc gaaaaacccc aggccctgaag aaataaaagta aaattaatct 540  
55 ggttaattgt cacggattag ttgtacaact agttagaagt ttcagaataa acatgcattt 600  
cataactgtc aaatgttctt ttaattctga gtccaaataa attatttggt gatgttgaaa 660  
aaaaaa 665

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50 :

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 904 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50 :

15

```

tcaccaccga gtgatgtgct gaggcctcct gcagtgaatg ctccctccat tcctgtactc 60
aggcagtgcc attcagcaca ggagagctct ttttgcctt ggcttcaat tccaaaacat 120
gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctagttatga agtatctgct taaaacctt 180
catcatgata tcctgtggat taaaaaactc taattccatg ttttcttccc atctgcctt 240
tatatctcat caccctgctt atcaatattc agtttgatga gcactattaa ctaaaatatg 300
aaactaaaaa acaaaaagcaa gttgtccta aaagttctt ttttaagtaa attgttgaca 360
tactgcaaat ttctatgca aacttgcctc ctgctgttat ctgtgaagct cagggaaatcc 420
aaacatttgt gtttcaacaa gggacagtaa actgtgtgtt tacagccaaa agaaaatgcct 480
catagttctt aacctcaact ttgttagaaag tattttttc tctgtatata ttttattggc 540
tcataaagat gtttcatat ctgaactcct aaataagtga aattacagta gattatatta 600
acaaaaatact tttaggttag ccatgcttga gactttttaa aaatataact tttccttaa 660
agtttcagc tatagcaaaa ggttagttatg tatgccagac ctaatatgag ctgccaccaa 720
caccctaga actttcagcc atgtgtctt cagaattgtt ggcattttct gaatctaggc 780
aaatcctcct ttacccgtt gaatgtttt aatgccttga ctctaccagc gcccataaaat 840
gatctctagg aagggctgtt aggtaccaat tctgtttttt caacttttga aggtaaaaac 900
ccccg 904
35

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1239 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

65

#### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:  
10 cgaaggcagg cgcaaggagc aagcgcagat tgtggcgcc tgcgtcagct gacccaagg 60  
gcctcgagg tgccttaggc cgcttcgcctt gctctcagaa tcgcgtccgc catggctagt 120  
cagtctcagg ggattcagca gctgctgcag gccgagaagc gggcagccga gaagggttcc 180  
gaggcccgcga aaagaaaagaa ccggaggctg aagcaggccca aagaagaagc tcaggctgaa 240  
attnaacagt accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaaggaaagc tgccgcattt 300  
ggatcccgtg gcagttgcag cactgaagtg gagaaggaga cccaggagaa gatgaccatc 360  
ctccagacat acttccggca gaacaggat gaagtcttgg acaaaccttgc ggctttgtc 420  
tgtgacattc ggccagaaat ccatgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480  
cctgtgctgt ggagtggcat tttagatgcc ctcacagaata tgaagcttag cacagctcta 540  
gttacattct tatgatatgg cattaaatta tttccatata ttatataataa ggtcccttcca 600  
ctttttggag agtagcaaattt ctatgttttt tgtacagact tagaaatttat ctaaaagattt 660  
catcttttta cctcatattt cttaggaattt taatggttat atgttgcattt tttttccttat 720  
gtcttttggc tcaaggaca tttatatcag tttttttttt tttttttttt gatcttagttt 780  
aaaaaaaaaaaaaaa aaaaccacat aacaattttt tgaagaaaagg aagggattaa ataattttttt 840  
tcccttaacac tttcttgaag gtcaggggct ttatctatga aaaagttagta aatagttctt 900  
tgtaacctgt gtgaaggcagc agccagccctt aaagttagtcc attcttgctt atggtttagaa 960  
cagtgaatac tagtggattt gttggctg ctttttagttt ctcttaatca aaattactag 1020  
atgatagaat tcaagaactt ttacatgtt ttactttgtt tattttttttt tttttttttt cattttaaaag 1080  
taaagactct gtcatgcaaa tttaacccca tttttttttt tttttttttt tttttttttt ccgtgacaac 1140  
cagtggttct tcatttttga tcattgcggaa tgcattttttt tttttttttt tttttttttt cttttttttt 1200  
tcacttagga cattagcaca caaatagcac acatatctt 1239

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52 :

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 966 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

**(iii) ANTI-SENSE: NEIN**

55 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

**60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

- #### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

<sup>65</sup> (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

# DE 198 13 839 A 1

gccctgagga ccctagtcca acatggcgcc gcccagcgga gggttggaaacg gcgtcggcgc	60
gagcttgtgg gccgcgtgc tcctaggggc cgtggcgctg aggccggcgg aggccgtgtc	120
cgagccccacg acggtgtggcgt ttgacgtgcg gcccggcggc gtcgtgcatt cttctccca	180
taacgtggc cggggggaca aatacacgtg tatgttact tacgcctctc aaggagggac	240
caatgagcaa tggcagatga gtctgggac cagcgaagac caccagcaact tacacgtgcac	300
catctggagg ccccaggaga agtccatatct gtacttcaca cagttcaagg cagaggtgcg	360
gggcgctgag attgagtagc ccatggccta ctctaaagcc gcatttgaaa gggaaagtga	420
tgtccctctg aaaactgagg aatttgaagt gacaaaaca gcagtggtc acaggcccgg	480
ggcattcaaa gctgagctgt ccaagctggt gattgtggcc aaggcatcgc gcaactgagct	540
gtgaccagca gcccgttgc gggtggacc ttctcatctc cggtaagct gaaggggcct	600
gtgtccctga aaggccagca catcaactggt tttcttaggag ggactcttaa gttttctacc	660
tgggctgacg ttgccttgc cggagggct tgcaggggg ctgaagccct ggggcagaga	720
acagagggtc cagggccctc ctggctcca acagcttctc agttccact tcctgctgag	780
ctctctctgga ctcaggatcg cagatccggg ggcacaaaaga gggtggggaa caagtgggg	840
ctattttgg gaaaaaaaac ccatggttcc cctaactttg agccggggag tgcttttaatt	900
gggcttggaaa ccttttttc cggttttcc ccagggggcc gtcctttaa attaaacttg	960
agaaag	966

5

10

15

20

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:**

**(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

25

- (A) LÄNGE: 556 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

**(ii) MOLEKÜLTYP:** aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

**(iii) HYPOTHETISCH: NEIN**

40

**(iii) ANTI-SENSE: NEIN**

**(vi) HERKUNFT:**

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

**(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

50

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

**(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53 :**

55

taaagctgcg gcggcggttc gcgtttctcg tgtccgttt actgacagct gcgcggcggg	60
agcggcgcc gcgagcgga ggcggcgcc cagagcttgg ggcttcttg gtcgcaccca	120
ccacctgcct gcccactgtt cagccttcag ggacccttag caccgcctgg tcttttctt	180
gtggccagcc cagaactgaa ggcgtcgccg atggcgccgg cctgcctcca ggcgtcaag	240
tacctcatgt tcgccttcaa cctgcttcc tggctggag gctgtggcgt gctgggtgtc	300
ggcatctggc tggccgcccc acagggggac ttgcacacgc tgccttcc cttccgtcc	360
ctgtcggctg ccaacctgtt catcatacc ggcgccttgc tcatggccat cggttcgtg	420
ggctgcctgg gtgccttcaa ggagaacaag tgccttctgc tcaacttctt ccgggtgtc	480
tggtggagg ccaccatcgc catcccttcc ttgccttaca cggacaagat tgacaggtat	540
gcccagcaag acctga	556

55

60

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54 :

- 5           (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
               (A) LÄNGE: 1349 Basenpaare  
               (B) TYP: Nukleinsäure  
               (C) STrang: einzeln  
 10           (D) TOPOLOGIE: linear
- 15           (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
               hergestellte partielle cDNA
- 20           (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25           (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 25           (vi) HERKUNFT:  
               (A) ORGANISMUS: MENSCH  
               (C) ORGAN:
- 30           (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
               (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35           (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54 :
- ```

cggggagtg aggagaaaagg gggggcttgg cggccggagg aggagtaggt gcgggtgaag 60
35 atggcgccag ccgagggccgc gaactgcac atggaggtgt cctgtggca ggcggaaagc 120
  agtgagaagc ccaacgctga ggacatgaca tccaaagatt actacttga ctcctacgca 180
  cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgaggtgc gcaccctcac ttaccgcaac 240
  tccatgtttc ataacccggca cctcttcaag gacaagggtgg tgctggacgt cggctcgggc 300
40 accggcatcc tctgcatgtt tgctgccaag gcccggcccc. gcaaggtcat. cgggatcgag 360
  tttccagta tctctgatta tgccgtgaag atcgtcaaag ccaacaagtt agaccacgtg 420
  gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
  atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccatgctcaa caccgtgctc 540
  tatggcccggg acaagtggct ggcgcggcat ggcctcatct tcccagaccg ggcacacgtg 600
45 tatgtacgg ccatcgagga ccggcagttac aaagactaca agatccactg gtggagaac 660
  gtgtatggct tcgacatgtc ttgcatcaaa gatgtggcca ttaaggagcc cctagtggat 720
  gtcgtggacc ccaaacagct ggtcaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
  accgtcaagg tggaaagacct gacttcacc tccccgttct gcctgcaagt gaagcggaaat 840
50 gactacgtgc acgccttggt ggcctacttc aacatcgagt tcacacgctg ccacaagagg 900
  accggcttct ccaccagccc cgagtcccccg tacacgact ggaagcagac ggtgttctac 960
  atggaggact acctgaccgt gaagacgggc gaggagatct tcggcaccat cggcatgcgg 1020
  cccaaacgcca agaacaacccg ggacctggac ttcaccatcg acctggactt caagggccag 1080
55 ctgtgcgagc tgcctgcctc caccgactac cggatgcgt gaggccggc tctccggccc 1140
  tgcacgagcc cagggggctga gcgttccctag gcggtttcgg ggctccccct tcctctccct 1200
  ccctcccgca gaagggggtt ttaggggcct gggctgggg gatggggagg gcacatcgtg 1260
  actgttttt tcataactta tgttttata tggttgcatt tacgccaata aatcctcagc 1320
  60 tggggaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagga 1349

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

|                                                                                                    |    |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:                                                                        |    |
| (A) LÄNGE: 2021 Basenpaare                                                                         | 5  |
| (B) TYP: Nukleinsäure                                                                              |    |
| (C) STrang: einzel                                                                                 |    |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                                                              |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA | 10 |
| (iii) HYPOTHETISCH: NEIN                                                                           | 15 |
| (iii) ANTI-SENSE: NEIN                                                                             |    |
| (vi) HERKUNFT:                                                                                     |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                                                             | 20 |
| (C) ORGAN:                                                                                         |    |
| (vii) SONSTIGE HERKUNFT:                                                                           |    |
| (A) BIBLIOTHEK: cDNA library                                                                       | 25 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55 :                                                          |    |
| ctctgtctca aaagagaaaa aaaaagaaaa gtaaccttca gagattctta gaagagttgc 60                               | 30 |
| tcattcacac ccacgcccctt gcccaaggct ggcccactta gagcgaaact taactttgt 120                              |    |
| ctggatggga agagaagtaa gtctaccccg aggttgcatt gttgaagagt gagaggtcca 180                              |    |
| agtgattctg tgcattgaaa ccaagacacc ccacccagaa cacttcttcc ctccctcagc 240                              | 35 |
| ccaaacccaaa ggctggggtt ctcatctcca agtggctgtt ctccaacttt cccaaaggccgc 300                           |    |
| ttgcattccc cagactggac tactgtggcg gtaggttag atttgaagac ggggcccagg 360                               |    |
| ctgggtatga acgggtgcag ccctttctc ctcttcccccc ccacatctct catgagagag 420                              |    |
| gtatggcat ttccattctca gggagttca atgggaaagg tctcgaaagc ttcaggagga 480                               |    |
| gcagaatacc aacgcagggg gatggctgta acgatctcac cgctctctaa cctcagtccc 540                              | 40 |
| tttttgaga gtgaatgggg gaggggtggg agggaccagg atttgtagat ctctttgtct 600                               |    |
| gggggagggg aaggatgtgg ttgcagagc ggaaggcagag tttggaaacg catgagagca 660                              |    |
| gagcttcgtg tggtccacc ctcagtgagg aggtgtgagt gggtagcat gtggagttgg 720                                |    |
| gtgttcccac ctcagtgtgag gaggtgtgag tgggggtgca tatagaggca gtgcctgctg 780                             | 45 |
| tgggtcaca actggtgcat gccagcgcca aagggacctg tctttagggg tcatttcagc 840                               |    |
| cagctcctcc catcacagat gacagctcca agcctagaag gggctcagtg acagggccag 900                              |    |
| gacaagccct caggactgtg gcctccctggc cttgggttcc cttggcccccac aacatggct 960                            |    |
| ccacatggct ggctggctgg ctgtccctgt gtgtgtgtga cacacgggtg gatgtcagggl020                              | 50 |
| ctgtccccgg ggtgggaggg tgtctatgtg gcactgactg tcttagctca gagctgtgg1080                               |    |
| atcctctcca tggacaatga cactttaagg attgtcttgg ttgttttc ctatttgtgg1140                                |    |
| ggtatttcc ccctcaggtc cttgggtctg ctgtgcctc aaggtgtcct gaccttgagggl200                               |    |
| ctgtatgggg gacccctgcc tttttcccccc atactgagtt cttagggaggt gtcacccca1260                             | 55 |
| gactcttagg aagggtctag agaaatgaga ggagcccaag ccaggggcca gtcggagaa1320                               |    |
| aggtaacct ccacgcttct ctctccaaa ttggaaatga agacaggttt tcaaaggcac1380                                |    |
| aggctccccc tgccagctc tagatctc cttgggtgtgc aatgggcccag ttagggtag1440                                |    |
| gcagcttgc cccagttctc ctttatctca acttattttt ctggggagag gtgcctagagi500                               |    |
| ggattgaggt aacttcaact gggatttcca aggaagggtgg gcaagtagcc ttggctctct1560                             | 60 |
| cccaccatgt ccatcagat tgagagtgtg tctagctccc gaccactttg tcttgaccta1620                               |    |
| ctgaaaagtt gggactgtgg ggggccttc attccctttt gttcactttc tccagctca1680                                |    |
| cttgggactt ggggtggggg actggagacc tcacccctgc tcccgccccg cccccccttct1740                             |    |
| atcccaacctt gttccatgt agcagaccct tccttagggag cagggagggg aagccacaga1800                             | 65 |

DE 198 13 839 A 1

ttgcaaaccc aggggctcct tttcatttt tictaaaacc ttgatatccct cagccaaagl1860  
gcgtatcccc cctgccacct ccaagcctgg aattgtgcat aacccggatc ttgtatcttl1920  
gtataacgga tgttatttgt acgaaggca gttcgtaaac agcacttgtt ctttaataal1930  
aagaatgtt tgcaaaaaaa aaaaaaaaaa tccgaaaaaa a 2021

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:56 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 900 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56 :

40 gcgaccgcct ctactggaag tttgaccctg tgaaggtaa ggctctggaa ggcttcccccc 60  
gtctcgtggg tcctgacttc ttggctgtg cgagcctgcc aacactttcc tctgaccatg 120  
gttggatgc cctcagggt gctgaccctt gccaggccac gaatatcagg ctagagaccc 180  
atggccatc ttgtggctgt gggcaccagg catgggactg agcccatgtc tcctcagggg 240  
gatgggggtgg ggtacaacca ccatgacaac tgccgggagg gccacgcagg tcgtggcac 300  
35 ctgccagcga ctgtctcaga ctgggcagg aggctttggc atgacttaag aggaaggca 360  
gtcttgggcc cgctatgcag gtccctggca acctggctgc cctgtctcca tccctgtccc 420  
tcagggtagc accatggcag gactggggga actggagtgt ccttgctgta tccctgttgt 480  
gaggttccct ccaggggctg gcactgaagc aagggtgctg gggccccatg gccttcagcc 540  
45 ctggctgagc aactgggctg tagggcaggg ccacttccctg aggtcagggtc ttggtaggtg 600  
cctgcatctg tctgccttggcataat cctggaaatc ttttctccag aatccaggcc 660  
aaaaagttca cagtcaaatg gggagggtt ttcttcatgc aggagacccc aggccctgga 720  
50 gctgcaaca tacctaattt ctgtccctc ccggatcctc ctgaaggccct ttgcagca 780  
ctgctatccct ccaaagccat tgtaaatgtt tgtacagtgt gtataaacct tcttcttctt 840  
55 tttttttttt aaactgagga ttgcattaa acacatgtt tttctaaaaaa aaaaaaaaaa 900

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1212 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57 :

```

ggcggggcct gcggggcgac cgccgcccga gccgcacggg agacgcacgag gaggagccgg 60
aagatgcgga cgaggcgaaa gttccccgtg atctccgtgg tgggttacac caactgcgga 120 30
aagaccacgc tgatcaaggc actgacgggc gatgccgcca tccagccacg ggaccagctg 180
tttgcacgc tggacgtcac ggcccacgcg ggcacgcgtc cctcacgcat gaccgtcctg 240
tacgtggaca ccatcggtt cctctccag ctgcccgcacg gcctcatcga gtccttctcc 300
gccaccctgg aagacgtggc ccactcggat ctcatcttgc acgtgaggga cgtcagccac 360
cccggccgg agtccagaaa tgcagcggtc tgtccacgct gcgtggcctg cagctgccc 420
ccccgctcct ggactccatg gtggagggtt acaacaaggt ggacctcgtg cccgggtaca 480
gccccacgga accgaacgtc gtgcccgtgt ctgcccgtcg gggccacggg ctccaggagc 540
tgaagactga gctcgatgcg gcgggtttga aggccgacggg gagacagatc ctcactctcc 600
gtgtgaggct cgcaggggcg cagtcaagctg gctgtataag gaggccacag ttcaaggaggt 660
ggacgtgatc cctgaggacg gggcgccga cgtgagggtc atcatcagca actcagccta 720
cgccaaattc cggaaagctct ttccaggatg aacggacgcc cacagaggcc tgcggggtgg 780
gggcattcgct gcctggggag ctgaggcggtt accgctgtgt tgggggcagc ttgggttcag 840
gtgcagcagg gtcctccctg tctgggtctg caccgcgttc gctcccagcc atttgctggg 900 45
atgaccgtgc aggccgtga cacggccgca cctgccccaa agcggggccgc ccgagcgtcc 960
actccaagcc tgagcatcca cacaattcca gtgggcctc ggtgcctgtc gtgaactgct1020
ttccctcgga atgtttccgt aacaggacat taaacctttg attttacttc agtgaaaaaa1080
aaatccaggc cctcctgcac ctgcccgtgag ccgtggccctg gtggcaccga cggccctcccl140
gccccgctgt ctgtttcac agatggtctc ggtttcccat ggtgggtgtcg gggaaatgac1200
gaaaaatcag gt 1212

```

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 494 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58 :

ctcccttaggt acaaatagcc ctgggctctg cagctccaca ggctcctggg gtggagtcca 60  
aatcactcat tgtttgtcaa agctgagctc acagcaaaac aagccaccat gaagctgtcg 120  
gtgtgtctcc tgctggcac gctggccctc tgctgctacc aggccaatgc cgagttctgc 180  
ccagctcttg ttctctgagct gtttagacttc ttcttcattt gtgaacctct gttcaagttt 240  
agtcttgcca aatttgcattt ccctccggaa gctgtgcag ccaagttagg agtgaagaga 300  
30 tgcacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattt cgaaagtccct ggtgaaaata 360  
ttgaagaaat gtatgtgtg acatgtaaaa actttcatcc tggtttccac tgtcttcaa 420  
tgacaccctg atcttcactg cagaatgtaa aggtttcaac gtcttgcttt aataaatcac 480  
ttgctctcca cgtc 494

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 729 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) Strang: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59 :

ttttttcct tgggaagcag gagtttattt ttatccttt gtaagtatta actcgtaat 60  
 cacaacaaac acggagcaat ctcaatgctg tttatccga ggacagtctg cggggtcgtg 120  
 acgattctt tcttctgaa gttttccctt ttcctgaetc tcataatgat tcttgccat 180  
 gattctgtct ttcaatgac tgtgcttct actcgaacaa gatccttcc gaggagtgc 240  
 ttgccaagca gcgtgaagg gtctgcccc accagcaga ccttctccag tcgaattctc 300  
 tctccacacg caaggcttag ttcatttcca attaagatca ggtctcaga ggtcacctc 360  
 cactggcggc tggcaaagtg caccacggca aagagcctgc catactgccc cgtgacgatc 420  
 atctcattca cttctcac gacctcgca tggtgtctgg tctcctcaac tgggtctg 480  
 agaacaactt ctggccaagg tggtaactc agggatgtt taggaacata tcctggtaga 540  
 tatgaagtgc tctgtgaatt gaaccttcga gaagcagacc aaaggggaggc tgctccggc 600  
 cccgaaggc tcaggatgct gtggctgcac gcggacgcca gccgcctaa ggtgaccgtc 660  
 agggaaagatg ctgccatggc cgccgcccatttcccgac ctcggccgga aacggaaacg 720  
 acgcaacc 729

5

10

15

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

- (A) LÄNGE: 1315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

cagaggctct tttttaaatc ttggggaaat catacccaact gaggaataga ggccaggc 60  
 gatcaggcct gcgtggattt tgggtcagct agggaaagcag aaggaggaag acgctggat 120  
 cattgtcagg actgagaata tggtgtgagt tgcttttagt ggtggccatg tgagcacctt 180  
 ggccagatta atctcttcc cccctccatg atgggtggcag gggcaggagc tgacttcgtg 240  
 atgctgggtg gcatgctggc tgggcacagt gagtcagggtg gtgagctcat cgagaggat 300  
 ggcaagaagt acaagctctt ctatgaaatg agttctgaaa tggccatgaa gaagtatgt 360  
 gggggcgtgg ctgagttacag gtatgtgtgg aggcccagga gcttagtaat agtatggagg 420  
 cagaactcat ggctgctgag agggggatgg tacagttctc agagaagcat ggtgaaccgg 480  
 ggctcaatgc tagggtctgt ggaaaagtcc ctgggcttaa ggaatccaga aggagaagat 540

55

60

65

5 aataaaagttt ttcctacttt aagagccca gaggjaaaaga cagtggaaagt tcctttaaa 600  
 ggagatgtgg aacataccat ccgagacatc ctaggaggga tccgctctac gtgtacctat 660  
 gtgggagcag ctaagctcaa agagttgagc aggagaacta ctttcattccg agtcacccag 720  
 10 caggtgaatc caatcttcag tgaggcggtc tagacctgag cagttctacc ctccccaggc 780  
 accagtactc taccatgggg catcccaagt ggggcctca cccatcccag ctactgcagc 840  
 tctgttattac ttgtcattt cctgttgct cactcctgag ggctcctgca gtaactctgt 900  
 acttctctat ctgcacacac aaaatgccca aggcactcac tggggaggaa gcaaggaagc 960  
 15 aaacagtctg agaaaatgtat gcaagaaaaat caaatggaa tctggggacc caacacaaca 1020  
 tcctgaagat tattaaaagg aaaagatgtt gattggtaca taaatcttt acatggccctt 1080  
 ggtcttagagg aggcaggctt tttagaatcat gttttgttaa tccgcttcac taaattggac 1140  
 cttcacatat ctazaaaagct ctgaagtgtt tgtatattt aaataccctca ataaagagag 1200  
 agctcattga ctgtaaaaaaaaaaa aattctgtac aaggctagca tctgggtgct 1260  
 gctgcagagt ggggtgggtt aggtcagca ctgaccagg ggggtcaaga acaat 1315

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 2011 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 40 (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62 :

tagaatattc atgtgagttc attcctccct gctgagattt ttcagctcct cttccctgc 60  
 tataccgact ggacttgaac actaagtctt caatagctga gattctccat cttaatctac 120  
 55 ttggaggcaa gagcagattt gtttgttcat tatggatgga gggatgatg gtaaccttat 180  
 tatcaaaaag aggtttgtt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcaaaa ggaggcaaga 240  
 agaatggggaa aagttcgaa aacctgaa tccagaagaa tgtccagagg aggttatgaa 300  
 ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcagc aggagtaacgaa 360  
 ggaacagttc aaattcaaaa acatggtaag aggcttagat gaagatgaga ccaacttcct 420  
 60 ttagtgggtt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag aagaactgaa 480  
 agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa gaaggtttga atttctcaag agaacaagaa 540  
 ggaagtggaa aagaaaactga ctgtgaagcc tatagaaacc aagaacaagt tctcccaaggc 600  
 gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tggaaaaga 660  
 65 ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatcctg caagtctctc 720  
 ggaaacacctt ccctgagttt cccctccatc cactgccccctt ctgtgcagt atgtatcgcc 780

# DE 198 13 839 A 1

atcccccag gcctgggtgc ctactcgaa ggcggcact cggagtcag ctcagacagc 840  
 gaaggcacca tcaatgcac cgaaaagatt gtctcccca tctccgaac caacacctc 900  
 ctcgaggccc cctagttct ccgtccctac acagggagct cttcccaag gtagatcg 960  
 accgttcatg ctgcctatacg gcattatgtc cttaaaaaa aaactcctt gcctgcattc 1020 5  
 tgttacaac atgacatcc taaccaatcc aatctaaaaa tgtccagaa tccacctgt 1080  
 gccccaatcg tgggggttc ctcttctac tccactgcag atgaccaaac ctgtccgc 1140  
 gccacttcc tcactgatat tggaggagg gcaaggcca gccaagggtt cactaaaaat 1200  
 gccccaggag aataggcacc ggctggctt ccaaagggtt tgggtttat tgcttctgt 1260 10  
 ttttcttt cccgacagca caaagaagta agggcagtt ttggacaggt gttattaaal 1320  
 cattctattt gaaatgaatg tgttgttgg ttctactgca ttgtggagca tgcggggaa 1380  
 gagaactgac ccaggtaatg aaatggagcc ttcccttgg actaaccagt cttgtatgtt 1440  
 gtgtgactaa gtaaagatga taaacccat ctgctgggg tgtcacttca cactcgcat 1500  
 gcattgtgaa agctttccat acccttggcc attccctctc tcctctctc ccaacccat 1560 15  
 ttatgcagga agggactgct aacaagaacg ttccatctc aaacctttc tctgcctgg 1620  
 aaattatttt atgtttgtt ttgaaataaa ggatttagtt taagattcta aatttttagag 1680  
 aaacaacgt aggccctgtt tactaatgc cagacatcg aactgcaggt aggtatgtt 1740  
 atgagatgac ttatttcgg cagctctgg aatcctaata ttgtaaatga gtgggacaca 1800 20  
 ctgcattt gtgaccatc tattgaggcc ttctctgtt taatgcata tatacttgt 1860  
 cttaactg tggaatctat ttctaaccta aaggtgctgc cctagactt ttctttgt 1920  
 gcctctgtg ctctttcc ttccaaac agcaaactct gaggccatga gcagccaaa 1980  
 actagaggta ctgctccacc tcgtctcata a 2011 25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63 :

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 30
  - (A) LÄNGE: 2009 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA 40
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN ..
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN 45
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63 :

agggggata gaaggcacag gggatcgaga aagagagaaa gaaaatgaga gaggtagaag 60 60  
 acgagatcgta gactatgata aggaaaaggaa aatgaacga gaaaagaaa gtccaaaggaa 120  
 cagagaagta ggggagaggt agaagagaag aaacataaaag aagacaaaaga tgataggcgg 180  
 cacagagatg acaaaagaga ttccaaagaaa gagaaaaaac acagtagaaag cagaagcaga 240  
 gaaaggaaac acagaagtag gagtcgaagt agaaatgcag gaaacgaa tagaaatgaga 300 65  
 agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaat gaaagtaaag aaaatcaaa taaacgaaatg 360

cgaagtggca gtcaaggaag aactgacagt gttgaaaaat caaaaaaaacg ggaacatagt 420  
 cccagcaaag aaaaacttag aaagcgtagt agaagcaaag aacgttccc caaacgagat 480  
 cacagtata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgta gaaggagcca aagtatacgaa 540  
 caagagagcc aagaaaaaca gcataaaaaac aaagatgaga ctgtgtgaaa atattttgt 600  
 aaagtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaatctgc tttttcccc cacgttgaga 660  
 ttgtgcgatc gttcgactc ctcagctct ccctgttaggc tgcatttca tttcctctt 720  
 cgttaggaa agtgccttg taattccatt tattgcattt gttttcac ccaattgtta 780  
 agttgatac atgatgcaca gattgttctt gcattttat tttttttt tgaaatgtac 840  
 agtctgtaca tatgtcctga aaatgtttt attccttgg catgggtgcc atgttggta 900  
 aatttgtata aggcaataaa ctgcccactaa tctattttt tttttaggt gtgggattat 960  
 gtttggta ctgaagttag catggctgtg cttttcgtaa tagaatgcta aagacttgal020  
 gaatggatct tggatgtcta ttataggaga agtatgtgct gccaaatgtac aagaaggcag1080  
 cattgttagga ttaacattct tgcctactgt atattatctt ggaaggctct tttttatg1140  
 ttacacttaa tattctccac agtaccctt agagagaatt tatgagaagt tagttctgal200  
 tgcagaggtt ttaggctgt gatttcatca aaagtcctt tagcattcta cctcaaagggl260  
 acacttagia tgcctaaaat ttattcactt agttttcctt ttttatttga aaaaatacat1320  
 20 gacatgtaat cttttttct tgaattctt ctcagattt aaagtactat attaaagaaa1380  
 aaaattaatg tctaaagcct agcattctt cagaaccctt tactaacatg taatggggag1440  
 agggtggggc agatgagtag agaaaacagat tcaaggctca agttccaaa gcattttat1500  
 aaatggaaaaa tccttaaatt atgaaacagc ttgatatagt gtccttttt taaaattcag1560  
 25 aactttttt attgataatg gagattgtg tttgagttt taaacttaat ctagaacagal620  
 ggagtattaa aagtaatgt gtgctgcatt atttaagact atcagcaaat tatttgatag1680  
 attttctta caactgtat tctgattaca gaaccatcat gagtgiggaa taaatactgg1740  
 attaaatcct ttatcctggg tcttggcatt tcccccattt gttaatttt tttagcatat1800  
 ttatattgtg gaaattgtat aaacgtcagt agagtacac tttgtgtaca gggatgtctt1860  
 30 agtcccaga tgacaagtga attttggaga aatgcatacg ctgggattgg gcatgtggta1920  
 atcaataatc tttatttagaa tacttgataa tggcagttcc ctttgtcagt ggttgtaca1980  
 tgtgtcattt gattactttt ttccatgtc 2009

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64 :

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2269 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

# DE 198 13 839 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64 :

```

gcctggccct tgcagagaag gccagactgt tgccggaaaca gcccagttc tggtcgaaga 60
gcaggttctg gactggatca gctaccaagt ggagaagaac aagtacgacg caagcgcct 120
tgacttctca cgatgtgaca tggatggcgc caccctctc aattgtgcc ttgaggagct 180
gcgtctggc tttgggcctc tgggggacca actccatgcc cagctgcgag acctcacttc 240
cagctttct gatgagctca gttggatcat tgagctgctg gagaaggatg gcatggcctt 300
ccaggaggcc ctagaccagg gcgccttiga ccagggcagc cccttgcgc aggagctgct 360 10
ggacgacggt cagcaaggcca gcccctacca ccccgccagc tggcgcag gagccccctc 420
ccctggcagc tctgacgtct ccaccgcagg actgggtctt ctccggagctc ccactcctca 480
gactccggtg gaagtgcacgt ggacctggat cccactgtat gcaagctctt cccagcgat 540
ggtttcgtg actgcaagaa ggggatccc aagcacggga agcgaaacg aggccggccc 600 15
cgaaagctga gcaaagagta ctgggactgt ctgcaggggca agaagagcaa gcacgcgccc 660
agaggcaccc acctgtggga gttcatccgg gacatccctca tccacccggg gctcaacgag 720
ggcctcatga agtgggagaa tcgcatgaa ggcgtctca agttcctgcg ctccggaggct 780
gtggcccaac tatggggcca aaagaaaaag aacagcaaca tgacctacga gaagctgagc 840
cgggccatga ggtactacta caaacgggag atccctggaaac ggggtggatgg cggcgcactc 20
gtctacaagt ttggcaaaaa ctcaagcggc tggaggagg aagagggtct ccagagtcgg 960
aactgagggt tggactata cccgggacca aactcacgga ccactcgagg cctgcaaaacc 1020
ttcctgggag gacaggcagg ccagatggcc cttccactgg ggaatgctcc cagctgtgct 1080
gtggagagaa gctgatgtt tgggttattg tcagccatcg tcctggact cggagactat 1140
ggcctgcct ccccacccctc ctcttggaat tacaagccct ggggttgaa gctgacttta 1200
tagctgcaag tttatctctt tttatctggt gcctcctcaa acccagtctc agacactaa 1260
tgcagacaac accttcctcc tgcagacacc tggactgagc caaggaggcc tggggaggcc 1320
ctaggggagc accgtgatgg agaggacaga gcaggggctc cagcaccttc tttctggact 1380 30
ggcgttcacc tccctgtca gtgttgggc tccacggca ggggtcagag cactcccta 1440
tttatgtgct atataaatat gtcagatgtt catagagatc tattttttct aaaacattcc 1500
cctccccact cctctccac agagtgtctt actgttccag gcctccagt gggctgatgc 1560
tgggaccctt aggatggggc tccctggctc tttctccctgt gaatggaggc agagacctcc 1620
aataaagtgc ctctctggct ttttctaacc ttttgtcttag ctacctgtgt actgaaaattt 1680
gggcctttgg atcgaatatg gtcaagaggt tggagggag gaaaatgaag gtctaccagg 1740
ctgaggggtga gggcaaaggc tgacgaagag gggagttaca gatttcctgt agcaggtgtg 1800
ggcttacaga cacatggact gggctggag gcgagcaag gaagcagctg agactgttgg 1860
agaacgctta caagacttca tgcaccaag gacatgaact cagaacactg aggtcagaag 1920 40
catcctgctg tcatgacacc gctcgagtga ctttgaccc gaccaagtct gtcctgttta 1980
ggactgatt ttcctattag gctagggttt ggacctgtat ttctcaagat gtctagaatt 2040
gcattggctgg cttgtggaa tagatggttt tgcattccag ccaagtgtgc tggaaactgt 2100
atatctgtaa tatgaatccc agctttttag tctgacaaaa tcaagatgtt gatcttggtaa 2160
aggtggagat gacttgc tggaaaagaa tgggggaaagg agtggcatt tggaaagt 2220
atagtctttt tctctgggt ttttaattt caacttttac ttttagattt 2269

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65 :

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 5       (vi) HERKUNFT:  
       (A) ORGANISMUS: MENSCH  
       (C) ORGAN:
- 10      (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
       (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 15      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65 :

```

caaaaaaaacc tcttaatatt ctggagtcat cattcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
tgaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
20     tctttccaa gacctttcaa agccattta ggctgttagg ggcagtggag gttagaatgac 180
     tccttggta ttagagttc aaccatgaag tctctaaca tgatatttct tcacctctgc 240
     tactcaaga gcatttactg tgtcttttgt ttgtgctagg ccccccgggtg tgaagcacag 300
     acccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
25     aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaaacact gatttcccct 420
     tttgcattct ccctccttcc cttccttgta gccttttgac tttcatttggaa aattaggatg 480
     taaatctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
     gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgtt acttccatgt gagggttttc 600
     agcattgata ttgtgcatt ttctaaacag agatgaggtg gtatcttcac gtagaacattt 660
30     ggtattcgct tgagaaaaaaa agaatagttt aacctatttcc tctttcttta caagatgggt 720
     ccaggattcc tcttttcttcc gccataaaatg attaattttaa tagcttttgt gtcttacattt 780
     ggtagccagc cagccaaaggc tctgtttatg cttttggggg gcatatattt ggttccattt 840
     tcacctatcc acacaacata tccgttatata tccctcttac tcttacttcc cccaaatttt 900
35     aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccaccccccatt tctctcctca cacacagact 960
     catattactg gtaggaactt gagaactttt tttccaagtt gttcaaaacat ttaccaatca 1020
     tattaataca atgatgtat ttgcaatttcc tgctccttggg ggaggggaga taagaaaccc 1080
     tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgttcc catggccgtg tagaagcatg 1140
40     gtgccctggc ttctcttgagg aagctgggggt tcatgacaat ggcagatgtt aagttattct 1200
     tgaagtcaaa ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgtt 1260
     tctagaaaaga atattttgtt ttccctgtata ggaatgagat taattccctt ccaggtattt 1320
     tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca tttttactgt tatecttattt 1380
45     agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaaacaaac attgtatgtt acagtcatgc 1440
     agtctggag tggggaaatg atcttttgtt cccatccctt tcttttagca gtaaaatagc 1500
     tgagggaaaa gggagggaaa aggaagttt gggaaataccgt gtgggtgggt tgatccctag 1560
     gtctggag ctcttggagg tgtctgtatc agtggatttcc ccatccccctg tggaaattt 1620
     gtagctcat ttactgtttt aggtcttagcc tatgtggatt ttttccttaac atacctaagc 1680
50     aaaccctgtc tcaggatgtt aatttttattt ctttcgttca gttaagttt tcccttcattc 1740
     tgggactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagtcattc aaccaggat 1800
     tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
     tcaaaaaaaaaaaaaaaa 1874

```

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66 :

- 60      (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
       (A) LÄNGE: 687 Basenpaare  
       (B) TYP: Nukleinsäure  
       (C) STrang: einzel  
65       (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 13 839 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA.

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66 :

gggccaagtg ccccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60  
cactctgtgg ggctcctcg cg ttgcacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120 25  
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa cacccac caatactctg tgaagctggg 180  
gcacccagac accctgaacc agggggatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgaaaa 240  
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300  
cacaaaatgca gacaaggcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360 30  
ctgggcctcc cacgagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420  
aggcctcggg gagggcaccc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480  
cgccccacagt catggtgcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540  
tctacccaaac cagggccccg gggctgtta tgtcaaactg tctggctgt ggggcttaggg 600 35  
gctggggcca aataaagtct cttccctccaa gtcagtgctc tgtgtgcttc ttccaccttt 660  
ctgcaagcct gcctttccag gggtgtg 687

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67 :

|   |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |                                                                                                                                                                                             |
|---|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 5 | gagcaacgcgt ggagcatcccc gctctggtgc cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca<br>tgttcccgct gttgcctc cttctgcctc tccttctgtatggctgcg ccccaaataatc<br>ggaaaatgtgtccagtgggtgtgtacatcaactgttca gtttcctgggaaagtagtt<br>tggtcacagg agctaataaca ggtatcggttggaggagacagc caaagagctg gtcagagag<br>gagctcgagt atatttagct tgccggatgttggaaaagggg ggaattgggtg gccaaagaga<br>tccagaccac gacaggaaac cagcagggtgt tggtgccgaa actggacccctg tctgatact<br>agtctattcg agctttgtct aagggttctt tagctgagga aaagcacccctc cacgtttga<br>tcaacaatgc aggagtgtatgttgcctgactcgaagac agcagatggc tttagatgc<br>acataggagt caaccacttg ggtcacttcc tcctaacccttctgtctgctt gagaactaa<br>agaatcagcccatcaagg atagtaaatgt tgcctcccttgcacatcac ctggaaagga<br>tccacttcca taacctgcag ggcgagaaat tctacaatgc aggccctggcc tactgtcaca<br>gcaagctagccaaacatcctt ttcacccagg aactggcccggagactaaaa ggctctggcg<br>ttacgacgtatctgtacac cctggcacag tccaaatctga actgggttccgg cactcatctt<br>tcatgagatgtatgtgtgg cttttctccctttcatcaa gactcctcag caggagagcc<br>agaccagcct gcactgtgcc ttaacagaag gtcttgagat tctaagtgg aatcattca<br>gtgactgtca tggcatgg gtctctgccc aagctcgtaa tgagactata gcaaggcg<br>tggtggacgt cagttgtacatgttgcctggcc tccaaataga ctaacaggca gtgcagttgl020<br>gaccctaaagaaagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaaatgtatctt<br>agttttcaaacctttagc acaaagagag caaaaccttc cagcccttgc tgcttgggtl140<br>ccagttaaaaatctcagtgatgtcccgatgttgcctaaatgttgcataatgtc<br>ttgcttctgttactgccaagatgtactatcataataggataagaa gaccctcatal260<br>tgacctgcac agtcattttccttctgaaa gaaactactacttgcac<br>agcaggatgatttatgcaa atttgcactatgttgccttgc tgcttgggtl1320<br>accaaccagtctcacttca agagggccac actgcacacttgcac<br>agactggctcaggagcagggttgccttgcac<br>agaccagcct ggcacatcgatgtgaaacc | 60<br>120<br>180<br>240<br>300<br>360<br>420<br>480<br>540<br>600<br>660<br>720<br>780<br>840<br>900<br>960<br>1020<br>1080<br>1140<br>1200<br>1260<br>1320<br>1380<br>1440<br>1500<br>1528 |
|---|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 904 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- ### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

DE 198 13 839 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:68

|             |              |             |            |             |             |     |    |
|-------------|--------------|-------------|------------|-------------|-------------|-----|----|
| tcaccaccga  | gtgatgtgct   | gaggccctcct | gcagtgaatg | ctccttccat  | tcctgtactc  | 60  |    |
| aggcagtgcc  | attcagcaca   | ggagagctct  | ttttgccttt | ggcttcaat   | tccaaaacat  | 120 | 5  |
| gatttaattt  | ctaactaaat   | tagtatggca  | ctagttatga | agtatctgct  | taaaaacctt  | 180 |    |
| catcatgata  | tcctgtggat   | ttaaaaactc  | taattccatg | tttcttccc   | atctgcctta  | 240 |    |
| tataatctcat | caccctgctt   | atcaatattc  | agtttgcata | gcactattaa  | ctaaaatatg  | 300 |    |
| aaacttaaaa  | acaaaagcaa   | gttgcctta   | aaagttctt  | tttaagtagaa | attgttgcata | 360 | 10 |
| tactgcaaat  | tttctatgca   | aacttgcctc  | ctgctgttai | ctgtgaagct  | caggaaatcc  | 420 |    |
| aaacatttgt  | gtttcaacaa   | gggacagtaa  | actgtgtt   | tacagccaaa  | agaaaatgcct | 480 |    |
| catagttctt  | aacctaact    | tttgcataag  | tatTTTTTC  | tctgttaatat | ttttattggc  | 540 |    |
| tcataaaagat | gttttcatat   | ctgaactcct  | aaataagtga | aattacagta  | gattatatta  | 600 | 15 |
| acaaaatact  | tttttaggttag | ccatgcttga  | gactttttaa | aaatataact  | ttttccttaa  | 660 |    |
| agttttcagc  | tatagcaaaa   | ggtagttatg  | tatgccagac | ctaataatgag | ctgcccaccaa | 720 |    |
| caccctaga   | actttcagcc   | atgggtctt   | cagaatttta | gcccatttct  | gaatcttaggc | 780 |    |
| aaatccctct  | tttaccctgtt  | gaatgtttt   | aatgccttga | cttaccaccgc | gcccataaaat | 840 |    |
| gatctctagg  | aagggctgtt   | aggtaccaat  | tctgttttt  | caacttttga  | aggtaaaaaac | 900 | 20 |
| cccg        |              |             |            |             |             | 904 |    |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71 :

25

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

..

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

|            |            |            |             |            |             |     |    |
|------------|------------|------------|-------------|------------|-------------|-----|----|
| RDTVVGDGTE | RSVTASRASA | PRPWQSQTDS | DSDSEGGAAAG | GEADMDFLRN | LFSQTLISLGS | 60  |    |
| QKERLLDELT | LEGVARYMQS | ERCRRVICLV | GAGISTSAGI  | PDFRSPSTGL | YDNLEKYHLP  | 120 | 50 |
| YPEAIFEISY | FKKHPEPFIA | LAKELYPGQF | KPTICHYFMR  | LLDKGLLLRL | CYTQNIDTLE  | 180 |    |
| RIAGLEQEDL | VEAHGTFYTS | HCVRPSAGTN | TR          |            |             | 212 |    |

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIIIP

29

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:73 :

20 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

40

QSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STQPLVRKPW 60  
ATSLKTQTKN H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

45

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

65

DE 198 13 839 A 1

SNLVVVLSLH FPVFSYFLKG RPRSVLSYCH IGSKMSTHSL APNH

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

5

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

25

ATSFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT

30

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

I PEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60  
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRLKYSI KVH 113

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77 :

60

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln

65

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

GAEEGRQEAQ GSRKESYSVY VVKVLKVHP DTGISSKAMG IMNSFVNDIF ERIAGEASRL 60  
20 AHYNKRSTIT SREIQTAVRL LLPGELAKHA VSEGTKAVTK YTSAK 105

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

GSGGNHSVCC DTMEGGGGSG NKTGGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLVN 60  
DPRYLVQDTD EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQNMAW 120  
50 SKPRNVQILN MVTRQGALWA NTLGSLLALLY SAFGVIIIEKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY 180  
KCTGGLRGIA RGGLTGLTLT SLYALYNNWE HMKGSLLQQS L 221

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

60 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

DNRTLTKGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEFS DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL 60 10  
RDLVTQQLPH LMPSNCGLEE KIANLGSCND SKLEFRSFWE LIGEAAKSVK LERPVRGH 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:80:

15

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

35

NLSPLPPPCT LACTCPHLCK VQLPSPGLCA LCLGCSGELM GGGVSTRGRL RGLVGPBMNI 60

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- (A) LÄNGE: 293 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

65

DE 198 13 839 A 1

ASRGAEQDGG ASAARPERRW AGGLLQ<sub>9</sub>AAP C<sub>10</sub>LLPRLRTW TS3SNRSRED SWLKSLFVRK 60  
VDPRKDAHSN LLAKKETSNL YKLQFHNVKP ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT 120  
WNTWYGEQDDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS 180  
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRP GTMIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV 240  
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MAARALCMLG LVLALLSSSS AEEYVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60  
SRIPGVWPWF KPLQEAEACTF 80

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
40 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

MDVFLMIRRH KTTIFTDAKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTGEC 60  
GFTSQTARPQ APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPPELP DVMKPQDSGS SANEQAVQ 118

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:84 :

65

DE 198 13 839 A 1

|                                                                                                                                                                                                                                                |    |    |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|----|
| (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren                                                                                                                                                                                                                     |    | 5  |
| (B) TYP: Protein                                                                                                                                                                                                                               |    |    |
| (C) STRANG: einzeln                                                                                                                                                                                                                            |    |    |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                                                                                                                                                                                                          |    |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                                                                                                                                                                                           |    |    |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                                                                                                                                                                                                         |    | 10 |
| (vi) HERKUNFT:                                                                                                                                                                                                                                 |    |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                                                                                                                                                                                                         |    | 15 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84                                                                                                                                                                                                       |    | 20 |
| MGRARDAILD ALENLTAEEL KKFKLKLLSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSFY 60<br>LETYGAELTA NVIRDMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAAKP GLHFIDQHRA 120<br>ALIARVTNVE WLLDALYGKV LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSFTPAWN WTCKDLLLQA 180<br>LRESQSYLVE DLERS 195 |    | 25 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:                                                                                                                                                                                                            |    |    |
| (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren                                                                                                                                                                                                                      |    | 30 |
| (B) TYP: Protein                                                                                                                                                                                                                               |    |    |
| (C) STRANG: einzeln                                                                                                                                                                                                                            |    |    |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                                                                                                                                                                                                          |    |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                                                                                                                                                                                           |    | 35 |
| (iii) HYPOTHETISCH: ja                                                                                                                                                                                                                         |    | 40 |
| (vi) HERKUNFT:                                                                                                                                                                                                                                 |    |    |
| (A) ORGANISMUS: MENSCH                                                                                                                                                                                                                         |    | 45 |
| (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85                                                                                                                                                                                                       |    |    |
| RMSSTRQCGP SPPTQARCGS SSVSHQPGTG PARTCSSRP                                                                                                                                                                                                     | 39 | 50 |
| (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:                                                                                                                                                                                                            |    |    |
| (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren                                                                                                                                                                                                                      |    | 55 |
| (B) TYP: Protein                                                                                                                                                                                                                               |    |    |
| (C) STRANG: einzeln                                                                                                                                                                                                                            |    |    |
| (D) TOPOLOGIE: linear                                                                                                                                                                                                                          |    |    |
| (ii) MOLEKÜLTYP: ORF                                                                                                                                                                                                                           |    | 60 |

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

WSGAEAPSQQ HSGQPLAIPP NHPESDLFIH NIRKASL

37

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

20 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

GESRFRPGAD FLLVGGCSGV SGGSGRGWS HGARARRHPG CAGEPDRRGA QEVQAEAAVG 50  
AAARGLRAHP AGRAAVHGRL GPHRQAGQLL PGDLRRRAHR 100

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

45 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

65

# DE 198 13 839 A 1

PGLAAGLATL LLPSPRAAS LVCAPVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPNP 60  
SRP 63

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:89 :

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren 10  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 15
- (iii) HYPOTHETISCH: ja 20
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH 25
- :
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

GIGCGPRDPP ASLPAPRRLS GLCARRRSQA SLSAGVARAD APICSGFRAG HACGTGTQPQ 60  
PTLSSRSSSL TSAEVQLPQF LAQVDNYRHK PLKLECPVAG ISIDLSQLSL QLQ 113 30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren 35  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear 40
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja 45
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH 50
- :
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

HASGQDTASM AASKVKQDMP PPGGYGPIDY KRNLPRRGLS GYSMLAIGIG TLIYGHWSIM 60  
KWNRRERRRLQ IEDFEARIAL LPLLQAETDR RTLQMLRENL EEEAIIMKDV PDWKVGESVF 120  
HTTRWVPPLI GELYGLRTTE EALHASHGFM WYT 153

55

60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

65

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

#### (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

SLALDQM**QAY** KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60  
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120  
NYIEGT**KMLA** AAYLYEV**SOLK D** 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

## 35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40  
(vi) HERKUNFT:  
      (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

KMYKFVVFFY VLIILRLLLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93 :

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 13 839 A 1

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFHLRIE HNYFYCSYIA CQIKSFTTKG 60  
V 61 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTMR PAALRGALLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH 60  
EWKKLIMVQH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIHGLWPDKS EGCNRSWPFN LEEIKDLLPE 120  
MRAYWPDVIH SFPNRSRFWK HEWEKGHTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY RELDLNSVLL 180  
KLGIKPSINY YQVADFKDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQQLQN 240  
CTEPGEQPSP KQEVLWANG AESRGLRVCE DGPVFYPPP KTKH 234 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

65

QKRSFLEASA MEF\$IIIREIG QTSPKWSEFL NPGRELTLLS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP 60  
VGF 63

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:96 :

- 10 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

30 SFCLVVLHGL GLKIIPKIHQL TNENVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60  
DAPIHGNPLT HFKT 74

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- 40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 :  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

60 FRRYTSSQMK TSASAPPSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLLILRR 60  
RKLNILL 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

65 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

20

|                                                                    |    |
|--------------------------------------------------------------------|----|
| CHLNLTLMFLG WSQLFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHFEQGCLL VDDLLFFMTG | 60 |
| ISGICFLAVF STFLPPW                                                 | 77 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:99 :

25

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

45

|                                                                    |     |
|--------------------------------------------------------------------|-----|
| TAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT | 60  |
| LYSAMGYGSY LWVKELGGFTK KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLVS  | 120 |
| GAAAALPWPG TR                                                      | 132 |

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100 :

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

5 :  
(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPL SSPEQQLQQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS 60  
WAPALSTARV SAGTPACRSP RGTRPTGCWA LSGARSTQPW GTAPTWGKS WEASQRRLWF 120  
PWASTLGSWP 130

15 :  
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- 20 :  
(A) LÄNGE: 186 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 :  
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 :  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 :  
(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :  
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

RPFIRAFACS KMAAVSMSVV LRQTLWRRRA VAVAALSVSR VPTRSLRTST WRLAQDQTQD 60  
TOLITVDEKL DITTLTGVPE EHIKTRKVRI FVPARNMMS GVNNNTKKWKM EFDTTRERWEN 120  
PLMGWASTAD PLSNMVLTFS TKEDAVSFAE KNGWSYDIEE RKVPKPKSKS YGANFSWNKR 180  
TRVSTK 186

45 :  
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

- 45 :  
(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 :  
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 :  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

60 :  
(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

QLTRLLQPAL GPGTTAVLLL QISTRPEDLG ETVCSLKfad RVGQVELGPA RRRRVPRSSG 60  
 TPSSLSTDTP LTGTpCTPTP SPGSPPCPSP DNGSGSALAP AEGLPL 106 5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

10

- (A) LÄNGE: 308 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear 15

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

## (vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

30

GSRPFTNPAR KDGAMFFHWR RAAEEGKDYP FARFNKTQVQ PVYSEQEYQL YLHDDAWTKA 60  
 ETDHLFDLSR RFDLRFVVIIH DRYDHQQFKK RSVEDLKERY YHICAKLANV RAVPGTDLKI 120  
 PVFDAGHERR RKEQLERLYN RTPEQVAEEE YLLQELRKIE ARKKEREKRS QDLQKLITAA 180  
 DTTAEQRRT E RKAPKKKLPO KKEAEKPAPV ETAGIKFPDF KSAGVTLRSQ RMKLPSVGQ 240  
 KKIKALEQML LELGVELSPT PTEELVHMFN ELRRTWCCST SSSRPVPTAS MSCRCGGTVM 300  
 RHWPGLVC 308 35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

40

- (A) LÄNGE: 388 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear 45

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

55

## (vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

60

IVPFIPCSPE VQSILKISQP QEPELMNANP SPPPSPSQQI NLGPSSNPHA KPSDFHFLKV 60  
 IGKGSGFGKVL LARHKAEVF YAVKVLQKKA ILKKKEEKHI MSERNVLLKN VKHPFLVGLH 120  
 PSFQTADKLY FVLDYINGGE LFYHLQRERC FLEPRARFYA AEIASALGYL HSLNIVYRDL 180 65

DE 198 13 839 A 1

KPENILLDSQ GHIVLTDFGL CKENIEHNST ISTFCGIPPEY LAPEVLHKQP YDRTVDWWCL 240  
GAVLYEMLYG LPPFYSRNTA EMYDNILNKP LQLKPNITNS ARHLLEGLLQ KDRTKRLGAK 300  
DDFMEIKSHV FFSLINWDDL INKKITPPFN PNVSGPNDLR HFDPEFTEEP VPNSIGKSPD 360  
5 SVLVTASVKE AAEAFLGFSY APPTDSFL 388

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- 10 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

35 TD SER GDPSE QTRPWRPPCA LTMAMHFIFS DTAVLLFDFW SVHSPAGMAL SVLVLLLLAV 60  
LYEGIKVGKA KLLNQVLVNL PTSISQQTIA ETDGDSAGSD SFPVGRTHRR WYLCHFGQSL 120  
IHIQVVIQGY FIMLAVMSYN TWIFLGVVLG SAVGYYLAYP LLSTA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- 40 (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

60 GLPLGITVPV ARETITSLFN KSSVIGPPLR LILKAQVTRG NLCCPVTVTM QLRNPELHLG 60  
CALALRFLAL VSWDIPGARA LDNGLARTPT MGWLHWERFM CNLDCQEEPD SCISEKLFME 120  
MAELMVSEGW KDAGYEYLCI DDCWMAPQRD SEGRLQADPQ RFPHGIRQLA NYVHSKGLKL 180  
GIYADVGNKT CAGFPGSFGY YDIDAQTFAD WGVDLLKFDG CYCDSLENLA DGYKHMSLAL 240  
NRTGRSIVYS CEWPPLYMWPF QKPNYTEIRQ YCNHWRNFAD IDDSWKSIIKS IILDWTSFNQE 300  
65 RIVDVAGPGG WNDPDMLVIG NFGLSWNQQV TQMALWAIMA APLFMSNDLR HISPAKALL 360

DE 198 13 839 A 1

QDKDVIAINQ DPLGKQGYQL RQGDNFEVWE KPLSGLAWAV AMINRQEIGG PRSYTIAVAS 420  
LGKGVACNPA CFITQLLPVK RKLGFYEWTS RLRSWINPTG TVLLQLENTM QMSLKDLL 478

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:107 :

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren

10

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ESLLLTLDE KPVSLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSFP ATFTPSPSIP LSSAYFFFFS 60 30  
DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRHTTA GLIFC 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

35

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

55

TKLTPGQASP WFPTHTPVSL RSSRLTSLPL VCRSLTSRFR STSCLSQTTP SPFQERSRNS 60  
NFESRWNDI 69

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:109 :

65

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

20 MSPAPSSEPG TSNVKELTER TKSSWMGPGT RLGTRCQKAG SLPRPSLLSI PHIPLSVLVI 60  
WHKELLFSLA KKKKKKKK 78

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

30

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

50

FFFFFFFFFFFLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGLGRLPA FWHLVPRRVP GPIQELLVRS 60  
VNSLTFDVPG SELGAGDI 78

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

60

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

|                                                                   |    |    |
|-------------------------------------------------------------------|----|----|
| LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLOMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAAG | 60 | 10 |
| TRGPRGCGTG PGTVRHV                                                |    | 77 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

15

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

35

|                                                                   |    |
|-------------------------------------------------------------------|----|
| PITSFCFKWP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF | 60 |
| DFSVSFVLQI RCPNK                                                  | 75 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

40

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

60

|                                                                   |     |    |
|-------------------------------------------------------------------|-----|----|
| DCEDLQAGFS PLESQQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW | 60  |    |
| PEGLWNNSRN CQTCLILAFP LFFKSGAQIS DQHSCFQIGE TIK                   | 103 | 65 |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: OBE

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15  
**(vi) HERKUNFT:**  
**(A) ORGANISMUS: MENSCH**

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

25 IAAASARRPP RLPLRSAPPS RGARGTMADP RVRIQIKITG VVKRLVKEKV MYEKEAKQQE 60  
EKIEKMRRAED GENYDIKKQA EILQESRMMI PDCQRRLLEAA YLDLQRILEN EKDLEEAEYY 120  
KFARLVLDV KLF A 134

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

#### (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

|    |                                                                       |
|----|-----------------------------------------------------------------------|
| 55 | SGAVGAERMG APTPLLTGSR VLRAAVWVRG QSGRRWAART ACQPGAPESC AAGPRGAPRP 60  |
|    | PQPGAFREPR GAHDGGGDGY RAQGGRAGEA QGGAAAVERA ERCVLTERGL QLFEAKGTGG 120 |
|    | RPKELSFARI KAVECVESTG RHIYFTLVTE GAARSTSAAP WKIPAGTPRS P 171          |

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

60 (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

DE 198 13 839 A 1

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

AWSSSRSTSRP SRQCGPGRAS GGPSCPCKPP GAPSFLHATH HLSAEVKAAS LFPLACGGTA 60  
VLHVVARWKAW TCGGGAGAEG MDEPWEEGRR LRRAEDEDAA PGWSQTLRTC PAQGLRATGL 120  
ASYGMRGSWH RSPLPAVVLPL SVLQTALSPL ALCQAWRRAV PHGVPSQRRL NQEASLVPKG 180  
VPRAWYPGPL QNGLWTHLEK GELLGLKPTP GGLLLRLRFW DPHPSRPFLC TLLPPPLRIF 240  
PPLRCSA 247

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 521 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

SKLNSYYGNV PVIEVKNNKH PVEVVYLSEAQ KDSFESILRL IFEIHSGEK GDIVVFLACE 60  
QDIEKVCETV YQGSNLNPD LGELVVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVVLTSS 120  
GEFLIWSNSV RFVIDVGVE RRKVYNPRIA NSLVMQPISQ SQAEIRKQIL GSSSGKFFC 180  
LYTEEFASKD MTPLKPAEM QEANITSMVLF MKRIDIAGLG HCDFMRNPAP ESLMQALEDL 240  
DYLAALDNDG NLSEFGIIM SEFPLDPQLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300  
PHGAEAAAALT CWKTFLHPE GDHFTLISIYK AYQDTTLNSS SEYCVEKWCR DYFLNCSALR 360  
MADVIRAEELL EIIKRIELP YAEPAFGSKEN TLNIKKALLS GYFMQIARDV DGSGNYLMLT 420  
HKQVAQLHPL SGYSITKHM PEWVLFHKFSL SENNYIRITS EISPELFMQL VPQYYFSNLP 480  
PSESKDILQQ VVDHLSPVS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q 521

50

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:118 :

60

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

65

- (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

#### (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

20 MAGRRVGAEP GPEVERWWWR RRLWQLGTEC KNQHDSSEAL QVLCHSVSR LSPFAEEHWC 60  
YSGCI 65

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:119 :

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

#### (ii) MOI EKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

#### (d) HERKUNFT:

**HERKUNFT:**

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

MILQRLFRFS SVIRSAVS VH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP 60  
VDASSEYQQE LERELFKLKO MFGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPOA 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

55 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MÓJ EKÜL TYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 13 839 A 1

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR 60  
GVGGSSY 67 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121 :

15

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

35

AACLAIRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL 60  
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120  
IHENYRING 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122 :

40

- (A) LÄNGE: 167 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

60

65

DE 198 13 839 A 1

NATPQHRCFS LLSIYAVVFM DFWPNVTDKS QEVVQDFIPV LPEVCLEDGH LLLGLLLHFS 60  
AATATGSQCR SFLGLEFFLP LQAVLFNFSL SFFFGLLQPP VLSFAGLGHL LGCPPLLGLQQ 120  
LLNPLRLTSH GGSDSESKAS GLRHLEGPLG QLTQPPTICA CSLRLPS 167

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- 10 (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

SNMAAPSGGW NGVGASLIWAA LLLGAVALRP AEAVSEPTTV AFDVRPGGVV HSFSHNVGPG 60  
DKYTCMFTYA SQGGTNEQWQ MSLGTSEDHQ HFTCTIWRPQ GKSYLYFTQF KAEVRGAEIE 120  
YAMAYSKAAF ERESDVPLKT EEFEVTKTAV AHRPGAFKAE LSKLVIVAKA SRTEL 175

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- 40 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

AVTSSPVAGG TFSSPVKLKG PVSLKGQHIT GFLGGTLKFS TWADVALSGG ACRVAEALGQ 60  
RTEGPGPSWL PTASQFPPLPA ELFWTQDRRS GGTKRVGNKW GLFLGKKTHG SPNFEPEGSAL 120  
IGLETFFSGF SPGGRPFKLN LRK 143

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

65

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

20

|                                                                   |    |
|-------------------------------------------------------------------|----|
| EAVGSQEGPG PSVLCPRASA TLQAPPDKAT SAQVENLRVP PRKPVMCWPF RDTGPFSFTG | 60 |
| DEKVPPATGL LVTAQCAMPW PQSPAWTQL                                   | 90 |

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

50

|                                                                   |     |
|-------------------------------------------------------------------|-----|
| APPGLFPVAS PELKRCGMAR ACLQAVKYLM FAFNLLFWLG GCGVLGVGIW LAATQGSFAT | 60  |
| LSSSFPSLSA ANLLIITGAF VMAIGFVGCL GAIKENKLL LTFFRCCWLE ATIAILFFAY  | 120 |
| TDKIDRYAQOQ DL                                                    | 132 |

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzeln  
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

SAAAWRAPAS RPSSTSCSPS TCSSGWEAVA CWVSASGWPP HRGASPRCPL PSRPCRLPTC 60  
SSSPAPLSWP SASWAAWVPS RRTSASCCLS SGAAGWRPPS PSSSSPTRTR LTGMPSKT 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- 20 (A) LÄNGE: 357 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

40 VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPNA EDMTSKDYYF DSYAHFGIHE EMLKDEVRTL 60  
TYRNSMFHNR HLFKDKVVLD VSGTGILCM FAAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK 120  
LDHVVTIIKG KVEEVELPVE KVDIIISEWM GYCLFYESML NTVLYARDKW LAPDGLIFPD 180  
45 RATLYVTAIE DRQYKDYKIH WWENVYGFDM SCIKDVAIKE PLVDVVDPKQ LVTNACLIKE 240  
VDIYTAKVED LTFTSPFCLQ VKRNDYVHAL VAYFNIEFTR CHKRTGFSTS PESPYTHWKQ 300  
TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN RDLDFTIDLD FKQLCELSC STDYRMR 357

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- 55 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 13 839 A 1

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

NQDTPPRTLL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPT FPSRLHSPDW TTVAVRLDLK TGPRLGGMNGC 60  
SPLLFPPPTS LMREVVAFPS QGASMGKVSK ASGGAEYQRR GMAVTISPSP NLSPFFESEW 120 10  
GRVGRDPDL 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

15

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

35

RQCILWGHNW CMPAPKGPFV RGHFSQLLPS QMTAPSLEGA Q

41

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

QGQDKPSGLW PPGPWFFPCPT TWSPHGWLAG CPCVCVTHGV SAGLCPGWEG VYVALTVLAQ 60  
SWWIILSMDND TLRIVLVCFS YLWGIFPLRL LGLELPQGVL TLRLMRGPLP VSPILSSREV 120 65

## 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- 10 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

DKGELGASCL PLTGPLHTKE DPRSWQGEPV PLKTCLHFQF GREKRGGYPF SELAPGLGSS 60  
HFSRPFLRVW GEHLPRTOQYG GNRQGSPHQP QQQDTLRQQQ TQEPEGENTP QIGKTNQDNP 120

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- 35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PHSKLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMRFQTL LPLCKPHPSP 60  
PPDKEIYKSG SLPTLPHSLS KKGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- 60 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

15

DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDFFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADPC QATNIRLETH 60  
GHLCGCGHQA WD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

20

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

PLPGHEYQAR DPWPSIWLWA PGMLSPCLL RGMGWGTTTM TTAGRATQVV VTCQRQLSQTG 60  
QGGFGMT 67 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

50

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

5       GCACGRATAAE AARETTRRSR KMTRRREFPV ISVVGYTNCG KTTLIKALTG DAAIQPRDQL 60  
      PATLDVTCHA GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120  
      PEAESRNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWWRF TTRWTSCPGT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

10      (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- 15           (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
          (B) TYP: Protein  
          (C) STRANG: einzeln  
          (D) TOPOLOGIE: linear

20           (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25           (iii) HYPOTHETISCH: ja

30           (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

PWALQLHRLLL GWSPNHSFLV KAELTAKQAT MKLSVCILLV TLALCCYQAN AEFCPALVSE 60  
LLDFFFFISEP LFKLSSLAKFD APPEAVAALKL GVKRCTDQMS LQKRSLLAEV LVKILKKCSV 120

40

45      (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:138 :

- 50           (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren  
          (B) TYP: Protein  
          (C) STRANG: einzeln  
          (D) TOPOLOGIE: linear

55           (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60           (iii) HYPOTHETISCH: ja

65           (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

70      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

LGNHNKHGAI SMLFIRRTVC GVVTILFFLK FFLFLNLIMI LGHDSVFSMT VASTRTRSFP 60  
RSGLPSSVKL SAPTSRTFSS RILSPHARSS SFPIKIRSSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120

75

# DE 198 13 839 A 1

VTIISFTFFT TSAWCLVSST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRYEVLCYL NLREADQREA 180  
APGPEGLRML WLHADASRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT 226

5

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:**

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

**(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139**

VRVVSVSGRG CGKMAAAMAA SSLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSQS 60  
TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLPDPVEET RHHAEVVKV NEMIVTGQYG RLFAVVVFAS 120 30  
RQWKVTSEDL ILIGNELDLA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLLGKDL VRVEATVIEK 180  
TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTPQTQL RINSIEIAPC LL 222

35

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:140:**

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

**(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140**

MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYQ MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV 60  
WRPRSLVIVW RQNSWLRLGG WYSSQRSMVN RGSMILGSVEK SLGLRNPEGE DNKFVPTLRA 120 60  
SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGAAKLKL SRRTTFIRVT QQVNPIFSEA 180  
C 181

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:141:

- 5           (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren  
             (B) TYP: Protein  
             (C) STRANG: einzeln  
10           (D) TOPOLOGIE: linear

15           (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15           (iii) HYPOTHETISCH: ja

20           (vi) HERKUNFT:  
             (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25           (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

25           STWRQEIQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60  
YDPRSLYERL QEQQDRKQQE YEEQFKFKNM VRGLDEDETN FLDEVSRQQE LIEKQRREEE 120  
LKEELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL                           168

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- 35           (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
             (B) TYP: Protein  
             (C) STRANG: einzeln  
             (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(vi) HERKUNFT:  
             (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

50           (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

55           TRKERSKEQR SRGEVEEKHH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHRSSRSRN 60  
AGKRSRSRSK EKSSKHKNES KEKSNSKRSRS GSQGRTDSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120  
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SKEQHKNKD ETV                           153

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:

- 65           (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
             (B) TYP: Protein  
             (C) STRANG: einzeln  
             (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

KRRNIKKTKM IGGTEMTKEI PRKRKNTVEA EAEGNTEVG VEVEMQGNEV EVEAKRNQVN 60  
 I KMKVKKNQI NEVEAVKEE LTVLKNQKNG NIVPAKNLE SVWEAKNVPT NEITVIVRTS 120  
 QTNMIVEGAK V 131

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

25

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

I FLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHFYFDSY 60  
 FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120  
 IVTISSSTSL IFFLSFSIPC PFYPP 144 45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

50

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

55

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

5  
: (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10  
: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

15  
RLHRRTGASR SSHSSDSGGS DVLDPTDGK LPFSDGFRDC KKGDPKHGKR KRGRPRKLSK 60  
EYWDLEGKK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEGLMKW ENRHEGVFKF LRSEAVAQLW 120  
GQKKKNMNT YEKLSRAMRY YYKREILERV DGRRLVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN\*

20  
: (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- 25  
: (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

30  
: (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35  
: (iii) HYPOTHETISCH: ja

40  
: (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45  
: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

50  
MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE 60  
HIMEDLDTNA DKQLSFEIFI MLMARLTWAS HEKMHEGDEG PGHHHKPGLG EGTP 114

55  
: (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- 60  
: (A) LÄNGE: 333 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

65  
: (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

70  
: (iii) HYPOTHETISCH: ja

75  
: (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

80  
: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

# DE 198 13 839 A 1

5

```

ATLEHPALVP LQPAEMVELM FPLLLLLLPF LLYMAAPGIR KMLSSGVCTS TVQLPGKVVV 60
VTGANTGIGK ETAKELAQRG ARVYLACRDV EKGELVAKEI QTTGNQQVL VRKLDLSDTK 120
SIRAFAKGFL AEEKHLHVLi NNAGVMMCj SKTADGFEMk IGVNHLGHFL LTHLLLEKLK 180
ESAPSlRIVNV SSLAHHLGRI HFHNLLQGEKF YNAGLAYCHS KLANILFTQE LARRLKGSmV 240
TTYSVHPGTnV QSELVRHSSoF MRWMWWLFSF FIKTPQQGAQ TSLHCALTEG LEILSGNHFS 300
DCHVAWVSAQ ARNETIARRL WDVSCDLLGL PID 333

```

5

10

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:**

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

```

RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR 60
GVGGSSY 67

```

35

## Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No. 9, 17, 18, 21, 23–25, 27, 31, 36, 38, 39, 42–44, 46–48, 50–53, 55–59, 61–63 und 67, 68
  - b) eine allelische Variante der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen  
oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID Nos. 9, 17, 18, 21, 23–25, 27, 31, 36, 38, 39, 42–44, 46–48, 50–53, 55–59, 61–63 und 67, 68 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 68, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, wo-

40

45

50

55

60

65

# DE 198 13 839 A 1

- rin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 5 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 10 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem *E. coli* und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 15 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. 72–76, 79–81, 84–92, 95–98, 102–104, 107–117, 119–127, 129–144, 147.
- 20 23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.
26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 71 bis Seq. ID No. 148.
31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 35 32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 68.
34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 40 35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

45

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

50

55

60

65

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

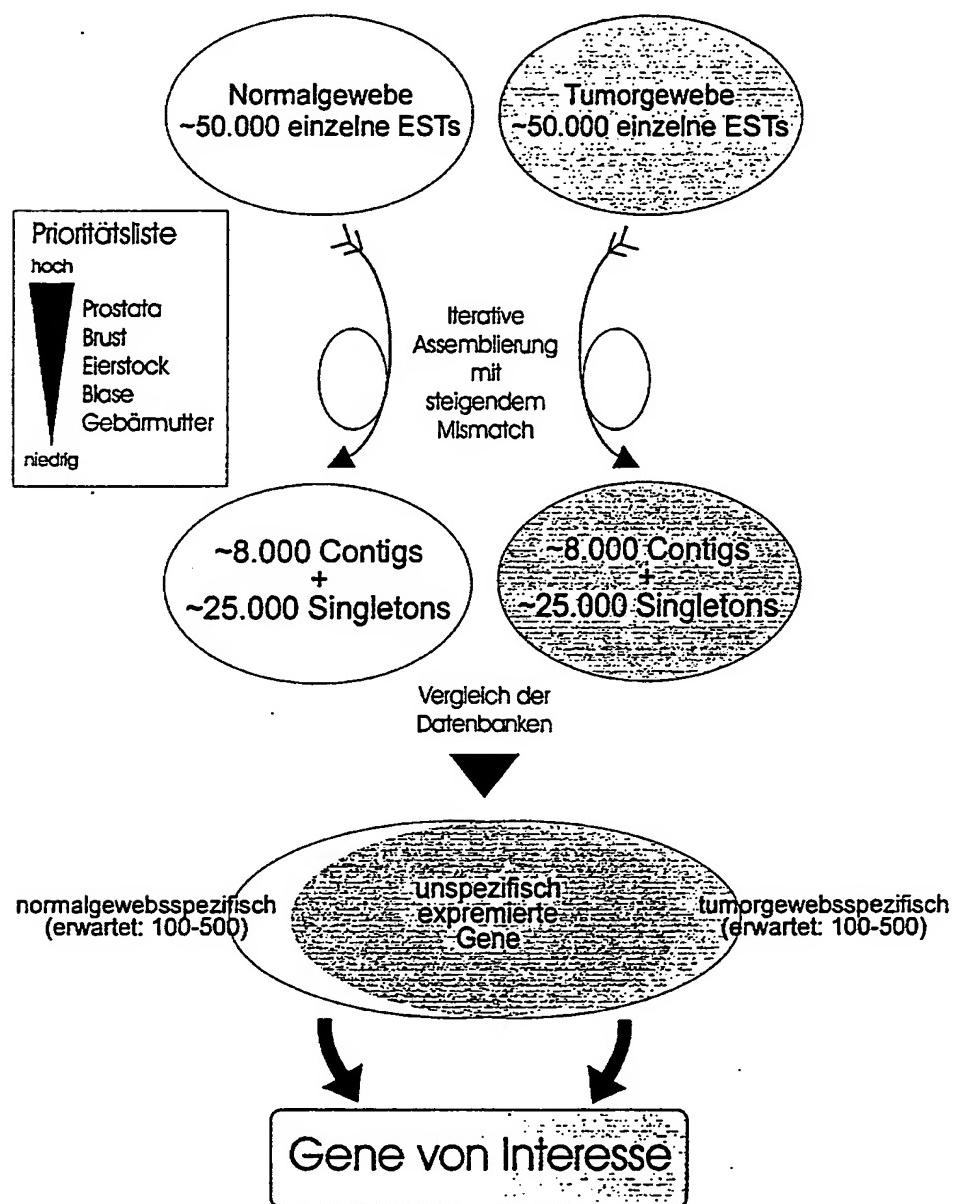


Fig. 1

## Prinzip der EST-Assemblierung

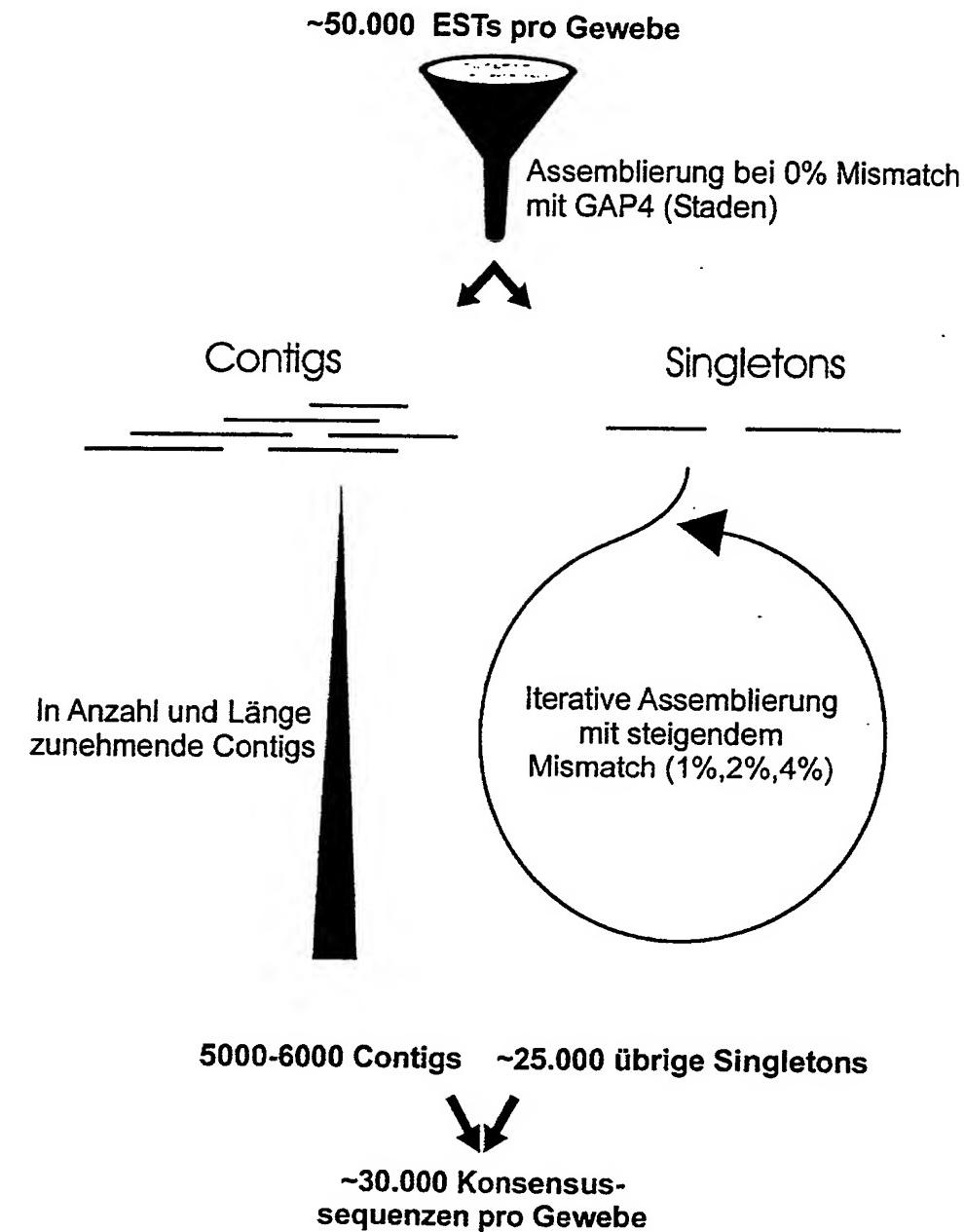


Fig. 2a

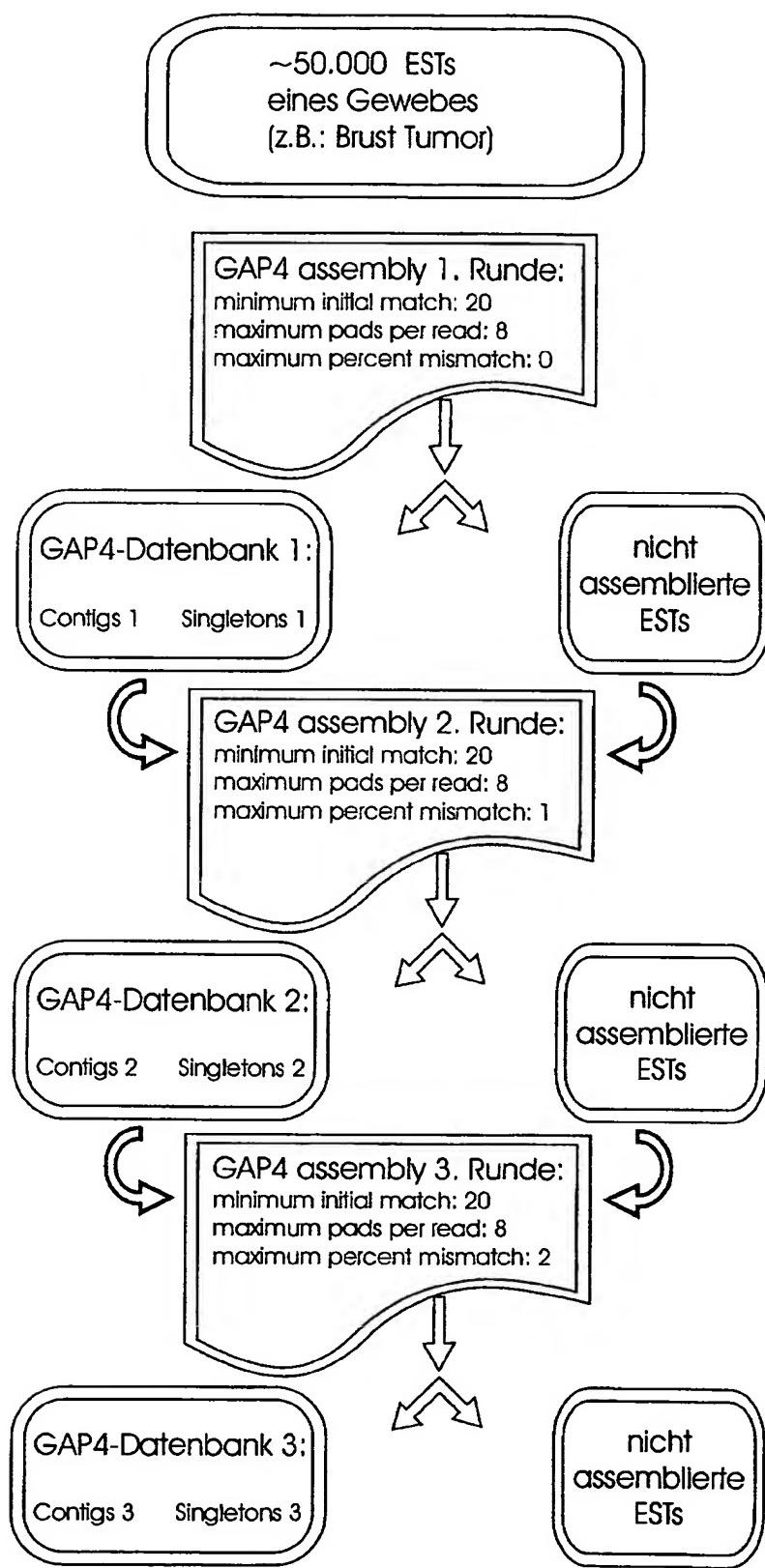


Fig. 2b1

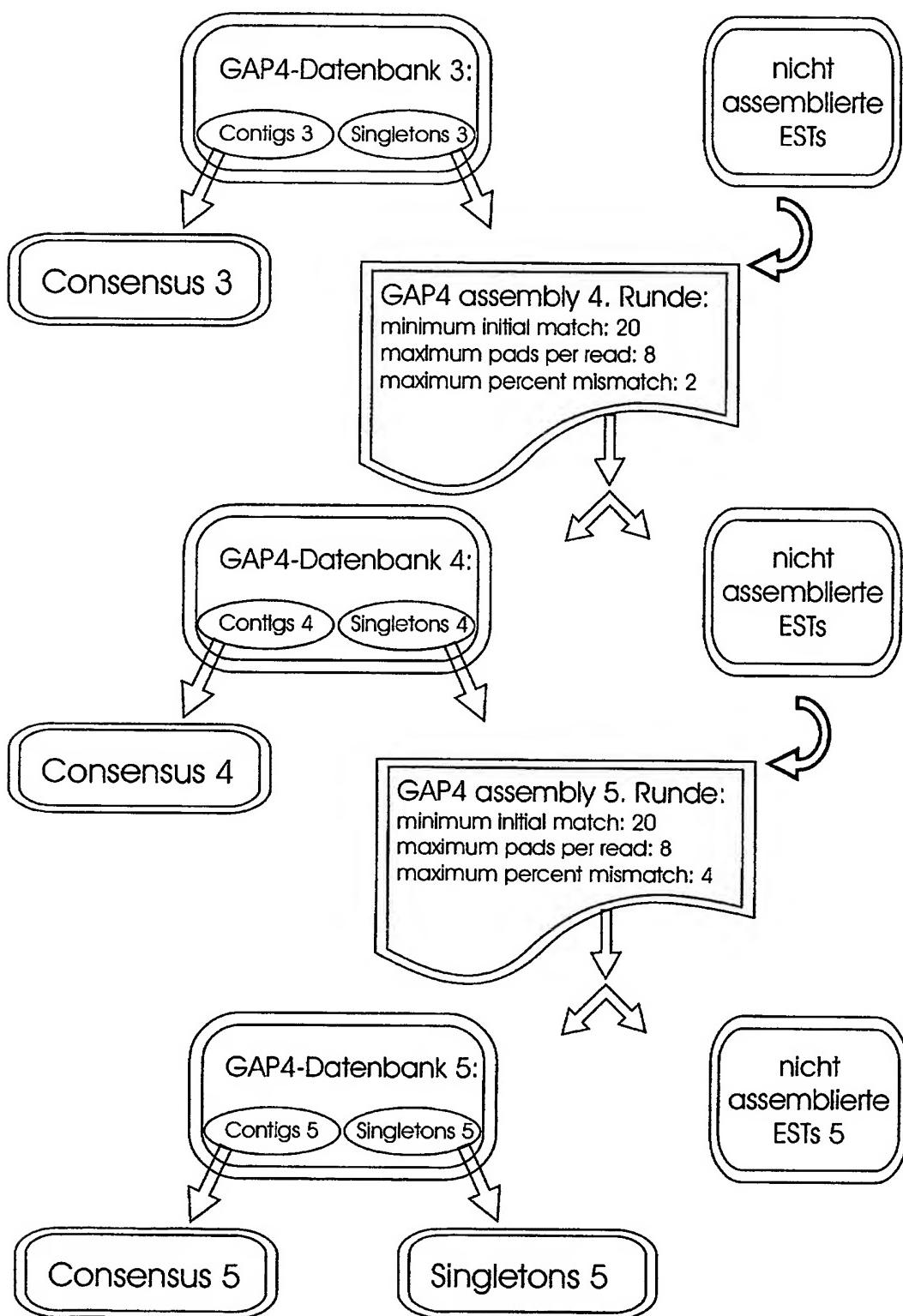


Fig. 2b2

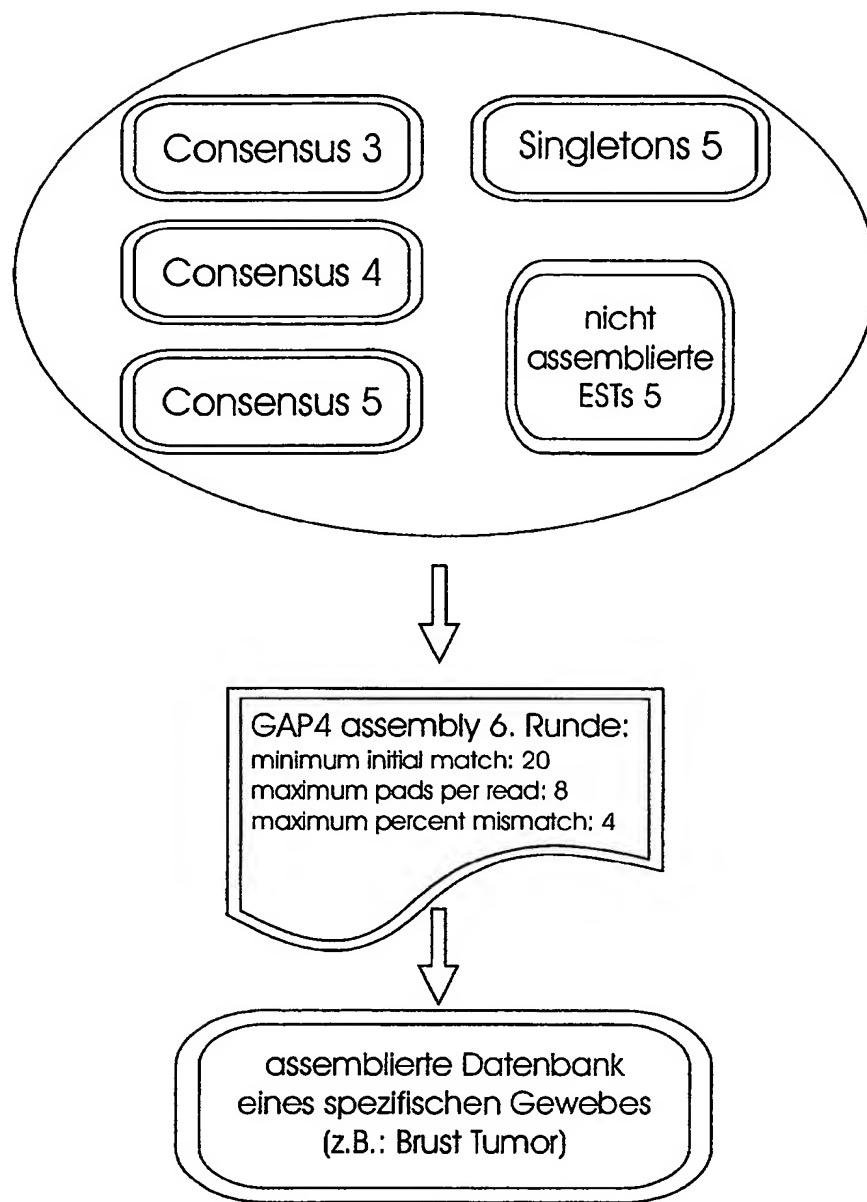


Fig. 2b3

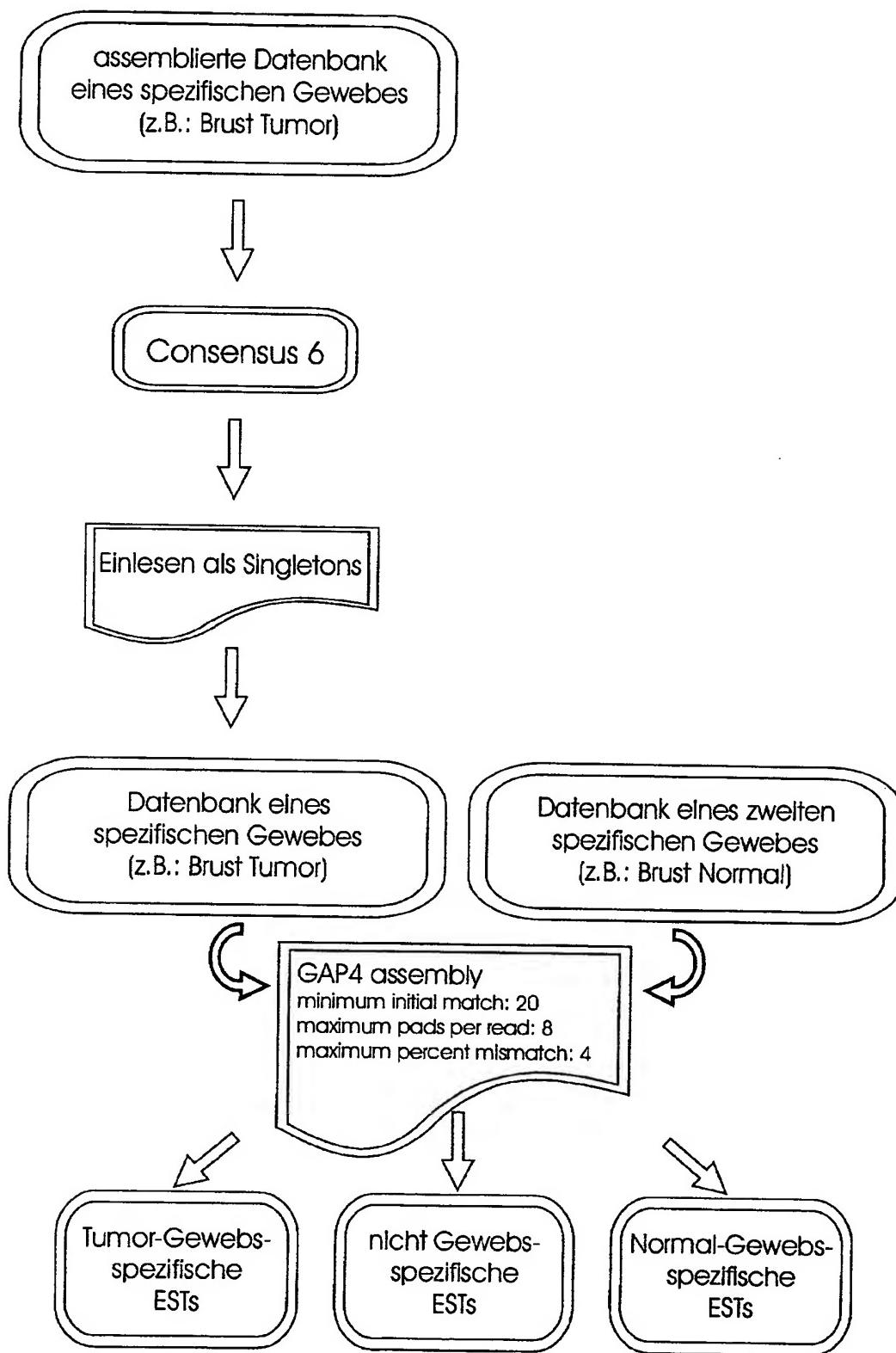


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Krebsgewebe

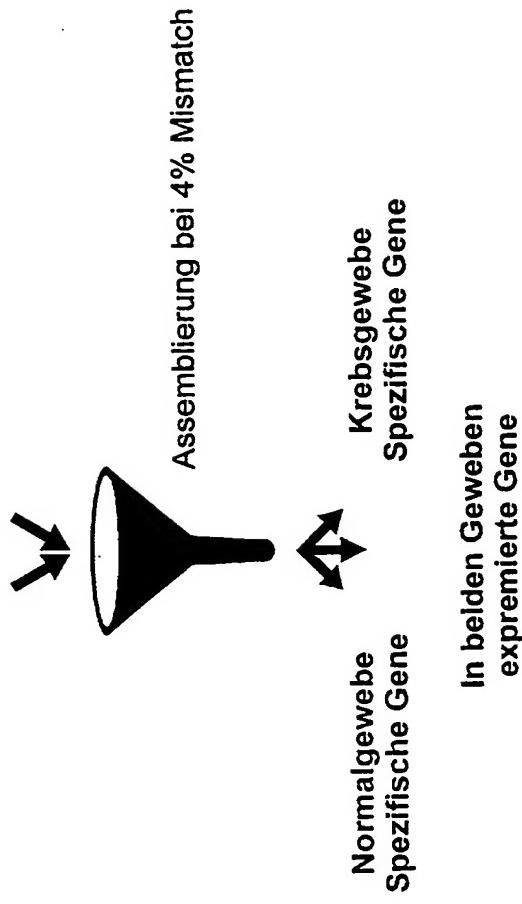


Fig. 3

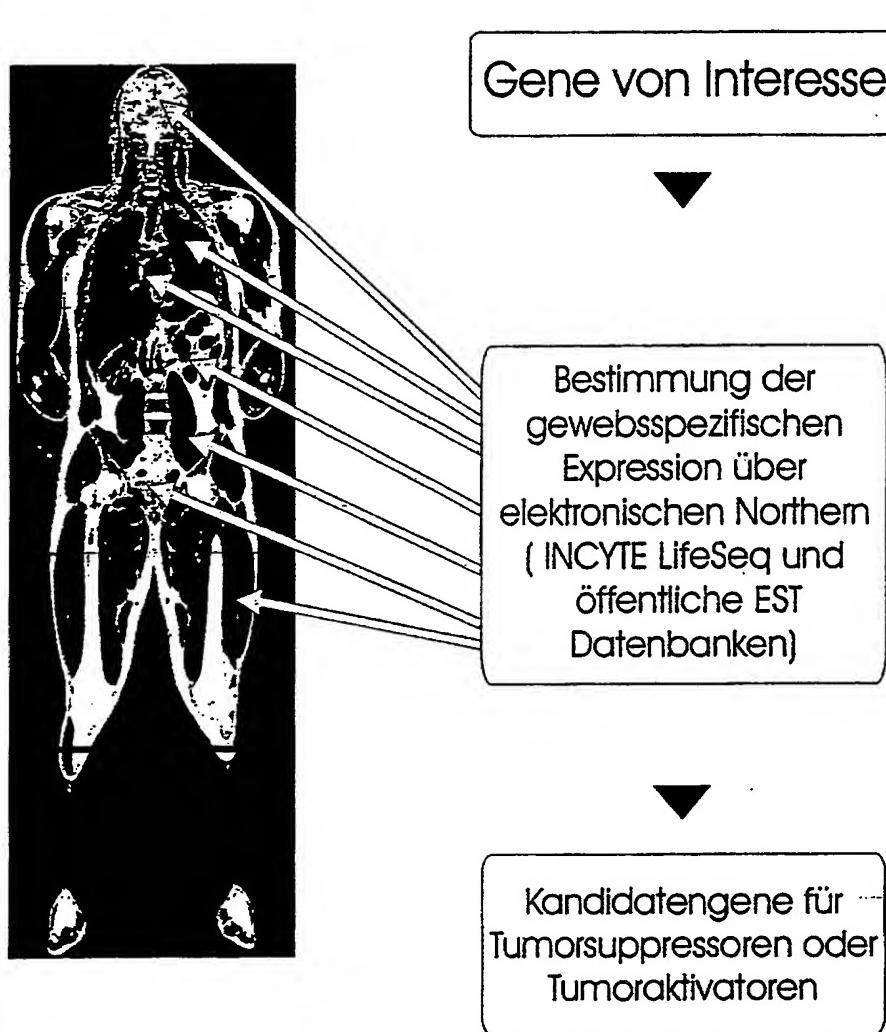


Fig. 4a

BEST AVAILABLE COPY

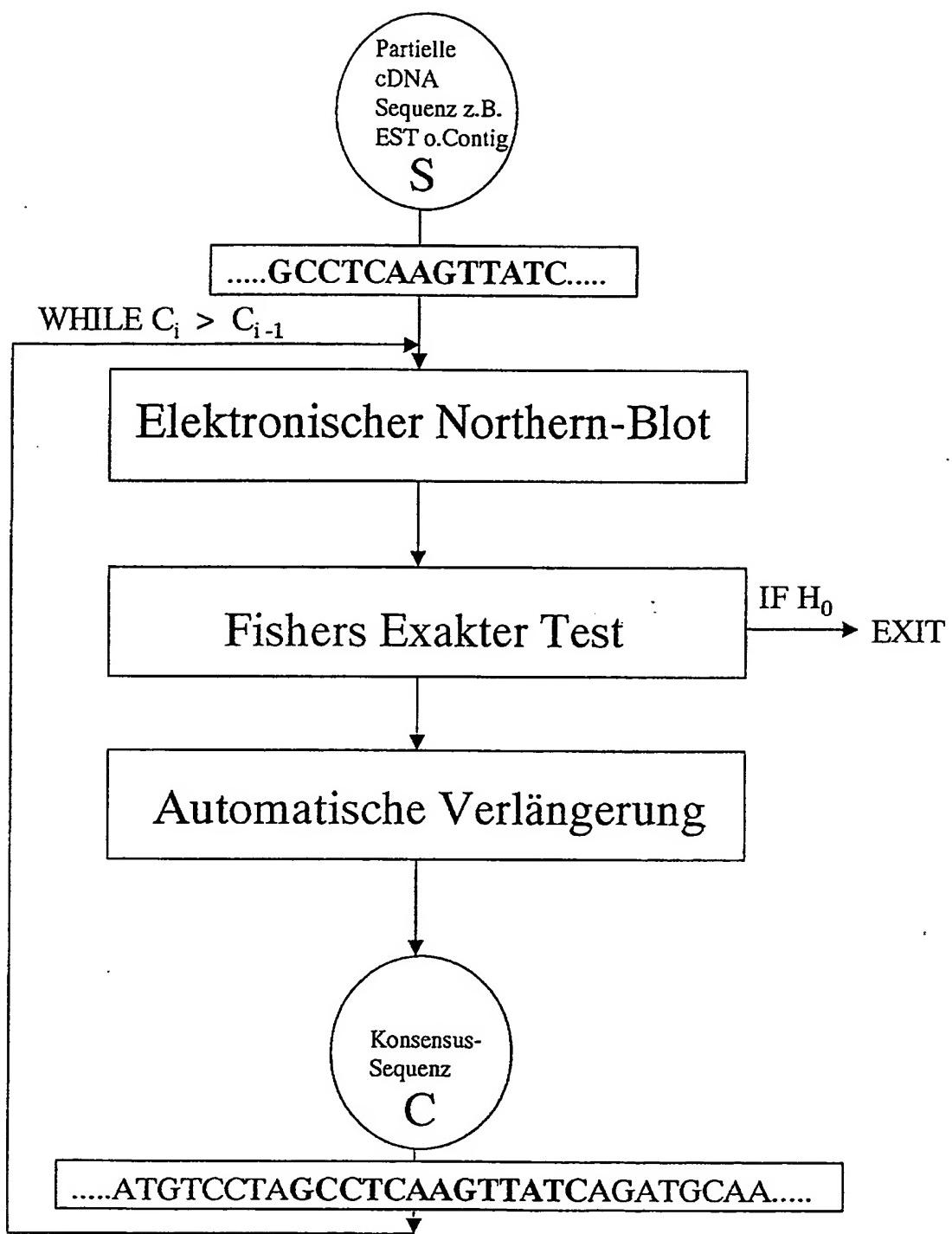


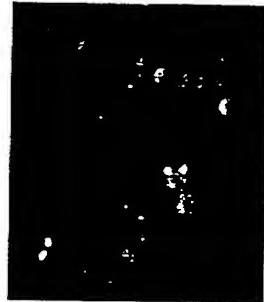
Fig. 4b

## Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

### Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5